

# **Vergleichende populationsgenetische Untersuchungen an Arthropoden in gestörten Offenlandschaften**

Von der Fakultät für Umweltwissenschaften und Verfahrenstechnik der Brandenburgischen  
Technischen Universität Cottbus zur Erlangung des akademischen Grades eines Doktors der  
Naturwissenschaften (Dr. rer. nat.) genehmigte Dissertation

vorgelegt von

Diplom-Biologin

**Mareike Güth**

geboren in Friedrichroda/Thüringen

Gutachter: Prof. Dr. rer. nat. habil. Gerhard Wiegleb

Gutachter: PD Dr. rer. nat. habil. Udo Bröring

Tag der mündlichen Prüfung: 25. April 2008

*Homo sapiens, die erste wirklich freie Spezies, wird sich (...) nicht länger der natürlichen Auslese unterwerfen müssen. Es gibt kein evolutionäres Schicksal mehr jenseits unseres freien Willens. Evolution wird eine Domäne der Wissenschaft, der Ethik und der Politik. Wir werden tief in uns selbst schauen müssen und entscheiden, wer wir sind, und was wir werden wollen.*

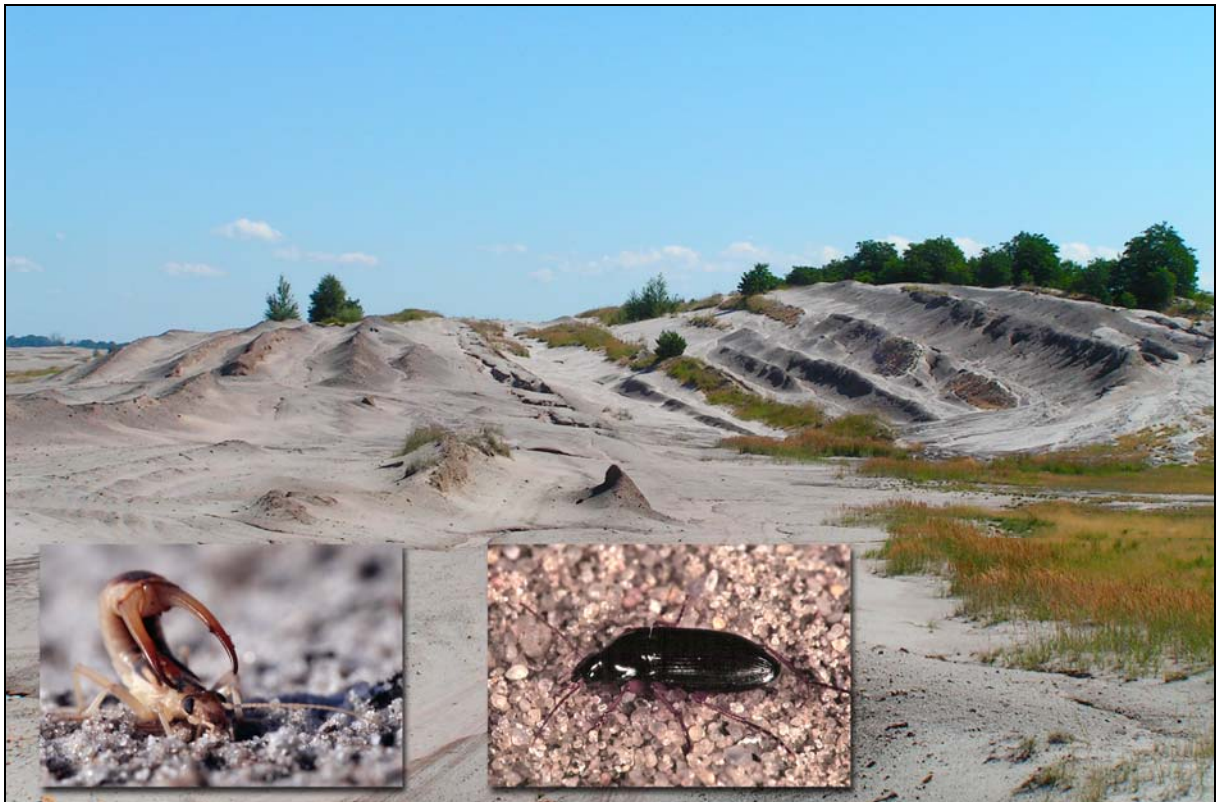
*Edward O. Wilson (2002) Stern, Ausgabe 52.*

*Ameisen bevölkern die Erde seit mehr als 140 Millionen Jahren. Sie haben die Dinosaurier überlebt und sie werden auch das Zeitalter der Menschen überdauern.*

*Edward O. Wilson (2007) National Geographic, Ausgabe August.*

*Der Mensch verkauft die Jahre der Enkel an der Börse des Widersinns.*

*Jurij Bržzan (1993) Krabat oder die Bewahrung der Welt, Domowina-Verlag, Bautzen.*



Meinen Eltern gewidmet.

## Inhaltsverzeichnis

<b>ABBILDUNGSVERZEICHNIS</b>	<b>6</b>
<b>TABELLENVERZEICHNIS</b>	<b>10</b>
<b>FORMELVERZEICHNIS</b>	<b>13</b>
<b>1 EINLEITUNG</b>	<b>14</b>
<b>2 MATERIAL UND METHODEN</b>	<b>17</b>
<b>2.1 Das Untersuchungsgebiet</b>	<b>17</b>
2.1.1 Naturraumausstattung	17
2.1.2 Die Lausitzer Braunkohle	17
2.1.3 Klima	18
<b>2.2 Untersuchungsstandorte</b>	<b>22</b>
2.2.1 Schlabendorfer Felder	23
2.2.2 Übrige Untersuchungsgebiete in der Bergbaufolgelandschaft	23
2.2.3 Vergleichsstandorte auf ehemaligen Truppenübungsplätzen	24
2.2.4 Vergleichsstandorte in anderen Gebieten	25
<b>2.3 Modellorganismus <i>Calathus erratus</i></b>	<b>26</b>
2.3.1 Untersuchungsgebiet	28
2.3.2 Erfassungsmethode und Probenahme	32
2.3.3 Bodenparameter	33
2.3.4 Käferfangdichten	35
2.3.4.1 Molekulargenetische Analyse	36
2.3.4.2 DNA-Extraktion	36
2.3.4.3 Molekulare Marker - Fragmentlängenpolymorphismen (AFLP)	37
2.3.4.4 Elektrophorese	38
2.3.4.5 Durchführung	39
2.3.5 Datenanalyse	40
<b>2.4 Modellorganismus <i>Labidura riparia</i></b>	<b>42</b>
2.4.1 Untersuchungsgebiet	43
2.4.2 Erfassungsmethode und Probenahme	50
2.4.3 Molekulargenetische Analyse	52
2.4.3.1 DNA-Extraktion	52
2.4.3.2 Molekulare Marker - Mikrosatelliten	52
2.4.4 Mikrosatellitenherstellung	53
2.4.4.1 Durchführung und Elektrophorese	55
2.4.4.2 Datenanalyse	56

<b>3</b>	<b>ERGEBNISSE</b>	<b>59</b>
<b>3.1</b>	<b>Ergebnisse der Untersuchungen an <i>Calathus erratus</i></b>	<b>59</b>
3.1.1	Ergebnisse der populationsgenetischen Untersuchungen	59
3.1.1.1	Gen-Diversität, Bandenanzahl und genetische Distanz der <i>Calathus erratus</i> Populationen	59
3.1.1.2	Populationsdifferenzierung und räumliche Populationsstruktur	63
3.1.2	Zeitliche genetische Variabilität	66
3.1.3	Flügeldimorphismus bei <i>Calathus erratus</i>	67
3.1.4	Genetische Unterschiede zwischen <i>Calathus erratus</i> und <i>Calathus ambiguus</i>	69
<b>3.2</b>	<b>Ergebnisse der Untersuchungen an <i>Labidura riparia</i></b>	<b>70</b>
3.2.1	Faunistik	70
3.2.2	Ergebnisse der populationsgenetischen Untersuchungen	73
3.2.2.1	Gen-Diversität, Bandenanzahl und genetische Distanz der <i>Labidura riparia</i> Populationen	73
3.2.2.2	Populationsdifferenzierung und räumliche Populationsstruktur	76
3.2.2.3	Analyse der Allelverteilung in den Populationen	79
3.2.2.4	Distanzbasierte Analyse - Dendrogramm	84
3.2.2.5	Individuenbasierte Clustermethode - bayesischer Ansatz	86
3.2.3	Übrige Sandohrwurmpopulationen	87
3.2.3.1	Gen-Diversität, Bandenanzahl und genetische Distanz	88
3.2.3.2	Populationsdifferenzierung und räumliche Populationsstruktur	89
3.2.3.3	Distanzbasierte Analyse der Allelverteilung - Dendrogramm	90
3.2.3.4	Individuenbasierte Clustermethode - bayesischer Ansatz	91
<b>3.3</b>	<b>Zusammenfassung der Ergebnisse</b>	<b>93</b>
<b>4</b>	<b>DISKUSSION</b>	<b>96</b>
<b>4.1</b>	<b>Ökofaunistik</b>	<b>96</b>
4.1.1	<i>Calathus erratus</i>	96
4.1.2	<i>Labidura riparia</i>	96
<b>4.2</b>	<b>Sukzession und genetische Diversität - Allgemeines und Stand der Forschung</b>	<b>97</b>
<b>4.3</b>	<b><i>Calathus erratus</i></b>	<b>99</b>
4.3.1	Methodendiskussion AFLP	99
4.3.2	Diskussion genetische Analysen an <i>Calathus erratus</i>	100
4.3.3	Habitatfragmentation und genetische Diversität	101
4.3.4	Populationsstrukturierung	101
4.3.5	Entwicklung der genetischen Diversität der Käferpopulationen im Laufe der Zeit	106
4.3.6	Flügelausbildung bei <i>Calathus erratus</i>	108
4.3.7	Zusammenfassende Diskussion	112
<b>4.4</b>	<b><i>Labidura riparia</i></b>	<b>113</b>
4.4.1	Methodendiskussion Mikrosatelliten	113
4.4.2	Diskussion genetische Analysen an <i>Labidura riparia</i>	114

4.4.3	Genetische Analysen an Ohrwürmern	114
4.4.4	Populationsstrukturierung	115
4.4.5	Populationsstrukturierung bei Sandohrwurmpopulationen aus dem Ausland	117
4.4.6	Biogeographische Rückschlüsse	117
4.4.7	Flügelausbildung bei <i>Labidura riparia</i>	118
4.4.8	Zusammenfassende Diskussion	118
<b>4.5</b>	<b>Forschungslücken</b>	<b>119</b>
<b>4.6</b>	<b>Ausblick</b>	<b>120</b>
<b>5</b>	<b>ZUSAMMENFASSUNG UND SUMMARY</b>	<b>121</b>
<b>6</b>	<b>LITERATURVERZEICHNIS UND VERZEICHNIS DER ANALYSEPROGRAMME</b>	<b>124</b>
<b>6.1</b>	<b>Literaturverzeichnis</b>	<b>124</b>
<b>6.2</b>	<b>Verzeichnis der Analyseprogramme</b>	<b>138</b>
<b>7</b>	<b>ANHANG</b>	<b>139</b>
<b>7.1</b>	<b>Protokolle</b>	<b>139</b>
<b>7.2</b>	<b>Abbildungen und Tabellen</b>	<b>141</b>
<b>8</b>	<b>DANKSAGUNG</b>	<b>147</b>

## Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1: Übersicht über die geographische Lage der noch aktiven Tagebaue. ....	18
Abbildung 2: Stärkewindrose (in Prozent der Jahresstunden) für Cottbus, Zeitraum 1992-2001. ....	21
Abbildung 3: Klimadiagramm der Messstation Cottbus, langjähriges Mittel (1961-1990) der Lufttemperatur- und Niederschlagswerte. ....	22
Abbildung 4: Der Laufkäfer <i>Calathus erratus</i> . ....	27
Abbildung 5: Geographische Lage der 13 beprobten Untersuchungsstandorte der <i>Calathus erratus</i> -Studie mit dem Hauptuntersuchungsgebiet Schlabendorf. ....	29
Abbildung 6: Fotografische Übersicht der Untersuchungsstandorte der <i>Calathus erratus</i> -Studie. ....	31
Abbildung 7: Probenahme-Design für den Fang der Laufkäfer. ....	32
Abbildung 8: Gegenüberstellung eines männlichen Genitales von <i>Calathus erratus</i> und <i>Calathus ambiguus</i> . ....	33
Abbildung 9: Überblick über die Anzahl und Fangdichte gefangener <i>Calathus erratus</i> -Individuen an zwei Leerungsterminen. ....	36
Abbildung 10: Schematische Darstellung zur Herstellung von DNA-Fragmenten zur Detektion der Fragmentlängenpolymorphismen. ....	38
Abbildung 11: Schematische Übersicht der Auswertungsschritte von AFLP-Daten. ....	41
Abbildung 12: Der Sandohrwurm <i>Labidura riparia</i> . ....	42
Abbildung 13: Geographische Lage der 21 beprobten Untersuchungsstandorte der <i>Labidura riparia</i> -Studie mit dem Hauptuntersuchungsgebiet Schlabendorf. ....	44
Abbildung 14: Offener Bereich in der Bergbaufolgelandschaft Schlabendorf-Süd, bevorzugter Lebensraum des Sandohrwurmes <i>Labidura riparia</i> . ....	46
Abbildung 15: Fotografische Übersicht der Untersuchungsstandorte der Studie am Sandohrwurm <i>Labidura riparia</i> . ....	49
Abbildung 16: Materialientest zum Fang von Sandohrwürmern. ....	50
Abbildung 17: Lebendfallen mit Tiertrockenfutter als Anlockungsmittel für den Fang von Sandohrwürmern im Geländeeinsatz. ....	51

Abbildung 18: Fangergebnis einer Lebendfalle mit einer großen Anzahl von Sandohrwürmern nach einer Nacht. ....	52
Abbildung 19: Schema eines Hybridisierungsprotokolls zur Mikrosatellitengewinnung.....	54
Abbildung 20: Schematische Übersicht der Auswertungsschritte von Mikrosatellitendaten. .	57
Abbildung 21: Darstellung der mittleren Anzahlen polymorpher Banden pro Individuum je Population und die Anzahl der insgesamt in den Populationen vorkommenden polymorphen Banden mit ansteigender Anzahl untersuchter <i>Calathus erratus</i> -Populationen und steigender geographischer Entfernung zwischen den Populationen. ....	61
Abbildung 22: Graphische Darstellung der genetischen Distanzen ( $F_{st}$ ) zwischen den Populationen in Abhängigkeit von der Anzahl der untersuchten Populationen und der geographischen Entfernung zwischen den Populationen. ....	61
Abbildung 23: Anzahl polymorpher Banden von <i>Calathus erratus</i> -Populationen ermittelt aus 82 AFLP-Banden.....	62
Abbildung 24: Gen-Diversität $H_e$ von <i>Calathus erratus</i> -Populationen ermittelt aus 82 AFLP-Banden. ....	62
Abbildung 25: Räumliche genetische Autokorrelation der <i>Calathus erratus</i> -Populationen basierend auf AFLP-Daten. ....	65
Abbildung 26: Paarweise genetische Distanzen der untersuchten <i>Calathus erratus</i> -Populationen ( $F_{st}$ ) als Funktion der geographischen Distanzen. ....	66
Abbildung 27: Graphische Darstellung des Bandenmusters von 15 <i>Calathus erratus</i> -Individuen und 15 <i>Calathus ambiguus</i> Individuen mit Angabe fixierter privater Allele für die Primerkombination Eco RI-ACT Mse I-CAC.....	70
Abbildung 28: Graphische Darstellung des Bandenmusters von 15 <i>Calathus erratus</i> -Individuen und 15 <i>Calathus ambiguus</i> Individuen mit Angabe fixierter privater Allele für die Primerkombination Eco RI-ACG Mse I-CAC. ....	70
Abbildung 29: Saisonale Verteilung der Ohrwurmzüge aus Bodenfallen. ....	71
Abbildung 30: Luftelektrode und Malaisefalle als Flugfallen .....	71
Abbildung 31: Individuenanzahlen der gefangenen Arthropodengruppen beim vierwöchigen Einsatz von Luftelektroden und Malaisefallen.....	72
Abbildung 32: Mittlere Allelansahlen von <i>Labidura riparia</i> ermittelt an 9 Mikrosatelliten-Loci.....	75
Abbildung 33: Gen-Diversität $H_e$ von <i>Labidura riparia</i> an 9 Mikrosatelliten-Loci.....	75

Abbildung 34: Räumliche genetische Autokorrelation der <i>Labidura riparia</i> -Populationen....	78
Abbildung 35: Paarweise genetische Distanzen ( $F_{st}$ ) der untersuchten <i>Labidura riparia</i> -Populationen als Funktion der geographischen Distanzen.....	78
Abbildung 36: Allelverteilung der Mikrosatellitenloci Lari17, Lari 10, Lari 05, Lari 51, Lari 77, Lari14 und Lari 39, Lari 37, Lari 18 in den Sandohrwurmpopulationen der Untersuchungsstandorte.....	83
Abbildung 37: UPGMA-Dendrogramm der genetischen Distanzen (DPS) der Untersuchungsstandorte der 21 <i>Labidura riparia</i> -Populationen..	84
Abbildung 38: Dendrogramm eines UPGMA Consensus-Clusters der genetischen Distanzen (DPS) der Untersuchungsstandorte..	85
Abbildung 39: Feststellung der Gruppenanzahl (K) für 539 <i>Labidura riparia</i> -Individuen von 21 Untersuchungsstandorten.....	86
Abbildung 40: Bayesisches-Dendrogramm für 539 untersuchte <i>Labidura riparia</i> -Individuen von 21 Untersuchungsstandorten aus Deutschland..	87
Abbildung 41: Mittlere Allelanzahlen verschiedener <i>Labidura riparia</i> -Populationen ermittelt an vier polymorphen Mikrosatelliten-Loci.....	89
Abbildung 42: Gen-Diversität ( $H_e$ ) verschiedener <i>Labidura riparia</i> -Populationen ermittelt an vier polymorphen Mikrosatelliten-Loci.....	89
Abbildung 43: UPGMA-Dendrogramm der genetischen Distanzen (DPS) der untersuchten <i>Labidura riparia</i> -Populationen von 26 Untersuchungsstandorten aus fünf Ländern.....	91
Abbildung 44: Feststellung der Gruppenanzahl (K) für 635 <i>Labidura riparia</i> -Individuen von 26 Untersuchungsstandorten aus fünf Ländern.....	92
Abbildung 45: Bayesisches Dendrogramm für 635 <i>Labidura riparia</i> -Individuen von 26 Untersuchungsstandorten aus fünf Ländern.....	92
Abbildung 46: Graphische Darstellung der hypothetischen Beziehung zwischen genetischer Distanz ( $F_{st}$ ) und geographischer Distanz zwischen Populationen.....	102
Abbildung 47: Graphische Darstellung der genetischen Distanzen ( $F_{st}$ ) zwischen Käferpopulationen, die gegen die geographischen Entfernungen bis 60 km (minimale und maximale Entfernungen) zwischen den untersuchten Populationen aufgetragen wurden....	105
Abbildung 48: Modell der Entwicklung der genetischen Diversität in den <i>Calathus erratus</i> -Populationen der Bergbaufolgelandschaften der Niederlausitz im Laufe der Sukzession, mit Darstellung der Gen-Diversität.....	108



Abbildung 49: Untersuchte Individuen und prozentualer Anteil an makropteren Individuen von *Calathus erratus* in den Bergbaufolgelandschaften und auf ehemaligen Truppenübungsplätzen. .... 111

Abbildung 50: Vorhandensein oder Fehlen polymorpher Banden unter Angabe der Basenpaarlänge für die Primerkombination Eco RI-ACT Mse I CAC in den Käferpopulationen. .... 142

Abbildung 51: Vorhandensein oder Fehlen polymorpher Banden unter Angabe der Basenpaarlänge für die Primerkombination Eco RI-ACG Mse I CAC in den Käferpopulationen. .... 143

## Tabellenverzeichnis

Tabelle 1: Lufttemperatur in C° - langjähriges Mittel und jährliches Mittel im Untersuchungsgebiet der Jahre 2001 bis 2005, 1. Witterungsreport des deutschen Wetterdienstes Station Cottbus, 2. ZI: Zinnitz - Wetterstation der BTU Cottbus, #: keine vollständigen Monatsangaben verfügbar, * für die Station Zinnitz waren nur Werte bis September 2005 verfügbar.....	19
Tabelle 2: Niederschlagsmengen in mm - langjähriges Mittel monatlicher und jährlicher Mengen im Untersuchungsgebiet der Jahre 2001 bis 2005, 1. Witterungsreport des deutschen Wetterdienstes Station Cottbus, 2. ZI: Zinnitz (Wetterstation der BTU Cottbus), #: keine vollständigen Monatsangaben verfügbar, * für die Station Zinnitz sind nur Werte bis September 2005 verfügbar.....	20
Tabelle 3: Liste der Untersuchungsstandorte der Untersuchung an <i>Calathus erratus</i> mit Klassifizierung der Untersuchungsgebiete, Entfernung zum zentralen Punkt = cP (in km), Alter (Zeit seit Verkipfung) und Angabe der geographischen Lage (geographische Koordinaten. Vergleiche die geographischen Koordinaten der gleichnamigen Untersuchungsstandorte der Untersuchung an <i>Labidura riparia</i> . ....	28
Tabelle 4: Bodenparameter der Untersuchungsstandorte der <i>Calathus erratus</i> -Studie im Untersuchungsgebiet Schlabendorf, maximale Werte - fett, minimale Werte - kursiv hervorgehoben, nb - nicht bestimmbar <0,02.....	33
Tabelle 5: Korngrößen des Bodens im Umfeld der Fallenstandorte der Untersuchungsstandorte der <i>Calathus erratus</i> -Studie im Untersuchungsgebiet Schlabendorf, maximale Werte - fett, minimale Werte - kursiv hervorgehoben.....	34
Tabelle 6: Deckungswerte (direkte Prozente auf einer Fläche von 4 x 4m) der Vegetation an den Untersuchungsstandorten der <i>Calathus erratus</i> -Studie im Hauptuntersuchungsgebiet Schlabendorf, maximale Werte - fett, minimale Werte - kursiv hervorgehoben, D - Deckung in %.....	35
Tabelle 7: Anzahl der gefangenen <i>Calathus erratus</i> -Individuen an zwei Leerungsterminen und Summe aller gefangenen Käfer an den Untersuchungsstandorten in Schlabendorf.....	36
Tabelle 8: Übersicht über die bei den AFLP-Analysen von <i>Calathus erratus</i> verwendeten, bzw. geeigneten Ligationsadapter, die Preamplifikationsprimer und die selektiven Ampifikationsprimer mit den dazugehörenden Basensequenzen.....	40
Tabelle 9: Anzahl und Basenpaarlänge (Bp) der detektierten Banden und der polymorphen Banden für die Primerkombinationen Eco RI- ACT Mse I- CAC und Eco RI- ACG Mse I- CAC.....	42

Tabelle 10: Liste der Untersuchungsstandorte der Untersuchung an <i>Labidura riparia</i> mit Klassifizierung der Untersuchungsgebiete, Entfernung zum zentralen Punkt = cP (in km), Alter (Zeit seit Verkipfung) und Angabe der geographischen Lage (geographische Koordinaten). Vergleiche die geographischen Koordinaten der gleichnamigen Untersuchungsstandorte der Untersuchung an <i>Calathus erratus</i> . ....	45
Tabelle 11: Liste der ausländischen Untersuchungsstandorte der Untersuchung an <i>Labidura riparia</i> mit geographischen Koordinaten (soweit bekannt).....	46
Tabelle 12: Charakterisierung von 10 Mikrosatelliten-Loci für 21 deutsche Populationen des Sandohrwurms <i>Labidura riparia</i> , aktualisiert gegenüber Gueth & Durka (2006). ....	55
Tabelle 13: Zuordnung der <i>Labidura riparia</i> -Mikrosatelliten-Loci zu den Multiplexreaktionen, mit Angabe der Fluoreszenzlabel der Loci.....	56
Tabelle 14: Übersicht über den Habitattyp, das Alter der Flächen seit Verkipfung, die Individuenanzahl, die He-Gen-Diversität und die mittlere Anzahl polymorpher Banden der untersuchten <i>Calathus erratus</i> -Populationen. Die Probeflächenkoordinaten sind Tabelle 3 zu entnehmen. Für die untersuchten Käferpopulationen der Bergbaufolgelandschaft und die Populationen der Truppenübungsplätze wurden Mittelwerte der Gen-Diversität und der Anzahl der polymorphen Banden sowie die jeweiligen Standardabweichungen berechnet. ...	60
Tabelle 15: Übersicht über die Anzahl der untersuchten <i>Calathus erratus</i> -Individuen in Abhängigkeit von der Anzahl der untersuchten Populationen und der geographischen Entfernung zwischen den Populationen. ....	60
Tabelle 16: Analyse der Populationsdifferenzierung der 13 untersuchten <i>Calathus erratus</i> -Populationen mit einer Analyse der molekularen Varianz (AMOVA): 90 Käfer aus 13 Populationen, 82 polymorphe AFLP Banden, * - signifikante Unterschiede ( $p < 0,05$ ). ....	63
Tabelle 17: Hierarchische Analyse der molekularen Varianz (AMOVA) der <i>Calathus erratus</i> -Populationen verschiedener Untersuchungsstandorte, * - signifikante Unterschiede.....	64
Tabelle 18: Analyse der genetischen Variabilität und der genetischen Distanz der drei Untersuchungsstandorte Schlabendorf-Süd (cP), Schlabendorf-Nord (Nord) und Plessa (Ple) für die Jahre 2001 und 2003, * - signifikante Unterschiede. <sup>1</sup> : cP 2001, Nord 2001, Ple 2001 vs. cP 2003, Nord 2003, Ple 2003. ....	67
Tabelle 19: Beflügelungszustand der 318 an den 13 Untersuchungsstandorten im Untersuchungsjahr 2002 gefangenen <i>Calathus erratus</i> -Individuen, der Standort cP wurde auch im Jahr 2003 (cP*) beprobt. ....	68
Tabelle 20 . Analyse der molekularen Varianz (AMOVA) der <i>Calathus erratus</i> -Individuen aus Schlabendorf-Süd (NO, NW, cP, SO, Dorf) getrennt nach kurz geflügelten und lang geflügelten Individuen (je 8 Individuen), * - signifikante Unterschiede.....	68

Tabelle 21: Fixierte Privatallele (mit Angabe der Länge in Basenpaaren, Bp) der Primerkombinationen Eco RI-ACT Mse I-CAC und Eco RI-ACG Mse I-CAC, die jeweils charakteristisch für <i>Calathus erratus</i> - oder <i>Calathus ambiguus</i> -Individuen sind. ....	69
Tabelle 22: Genetische Variabilität der untersuchten <i>Labidura riparia</i> -Populationen (vgl. Tabelle 10). Fixierungs-Index (Fis, p-Wert, fett markiert: Population nicht im Hardy-Weinberg-Gleichgewicht), erwartete Heterozygotie (He-Gen-Diversität), beobachtete Heterozygotie (Ho), und mittlere Allelzahl. Ø - Mittelwert, Staw - Standardabweichung. .	74
Tabelle 23: Analyse der molekularen Varianz (AMOVA) der <i>Labidura</i> -Populationen ohne Auftrennung in primäre und sekundäre Habitats, 9 polymorphe Mikrosatelliten, 539 Individuen, 21 Untersuchungsstandorte, * - signifikante Unterschiede. ....	76
Tabelle 24: Hierarchische Analyse der molekularen Varianz (AMOVA) der <i>Labidura</i> -Populationen verschiedener Gruppierung, * - signifikanten Unterschiede. ....	77
Tabelle 25: Übersicht über die Verteilung der Allele der 9 untersuchten Mikrosatelliten in den Sandohrwurmpopulationen der Untersuchungsstandorte mit den Habitattypen: Küste (n = 3), Binnendüne (n = 2), Truppenübungsplätze (n = 4) und Bergbaufolgelandschaften (n = 11), Privatallel: Allel kam nur bei Individuen des jeweiligen Habitattyps vor, fehlendes Allel: Allel trat bei Individuen in allen andern Habitattypen auf, aber nicht bei dem genannten Habitattyp. ....	79
Tabelle 26: Übersicht über den Größenbereich und die Anzahl der Allele der 9 Mikrosatelliten-Loci für fünf ausländische <i>Labidura riparia</i> -Populationen (davon zwei aus Japan), <sup>a</sup> - Locus ist nicht polymorph, <sup>b</sup> - Locus weist viele Nullallele auf, <sup>c</sup> - Locus war nicht vorhanden. ....	87
Tabelle 27: Übersicht über die Fixation-Index (Fis)-Werte (fette Schrift: Population im Hardy-Weinberg-Gleichgewicht), die erwartete Heterozygotie (He-Gen-Diversität), die beobachtete Heterozygotie (Ho) und die mittlere Allelzahl der untersuchten ausländischen <i>Labidura riparia</i> -Populationen. In die Analyse gingen nur die vier Mikrosatelliten-Loci ein, die für alle Populationen polymorph waren. ....	88
Tabelle 28: Analyse der molekularen Varianz (AMOVA) der deutschen und ausländischen <i>Labidura</i> -Populationen, vier Mikrosatelliten, 635 Individuen, 26 Untersuchungsstandorte, Gruppen: deutsche Sandohrwurmpopulationen vs. Populationen aus Japan, Frankreich, Gran Canaria, Sudan, * -signifikante Unterschiede. ....	90
Tabelle 29: Genetische Differenzierung zwischen den <i>Calathus erratus</i> -Populationen der 13 Untersuchungsstandorte. Unterer Tabellenbereich: paarweise Fst-Werte, signifikante Fst-Werte fett gedruckt, oberer Tabellenbereich (kursiv): p-Werte der paarweisen Fst-Werte. ..	141
Tabelle 30: Genetische Differenzierung zwischen den <i>Labidura riparia</i> -Populationen der 21 Untersuchungsstandorte. Unterer Tabellenbereich: paarweise Fst-Werte, signifikante Fst-Werte fett gedruckt, oberer Tabellenbereich (kursiv): p-Werte der paarweisen Fst-Werte. ..	144

Tabelle 31: Kleinräumige genetische Untersuchungen an Laufkäfern. Angegeben sind die Größe der Käfer, der Beflügelungstyp (Angaben nach Freude 1976: u – ungeflügelt, di – dimorphe Flügelausbildung, mac – makroptere Flügelausbildung), die untersuchten genetischen Marker (A - Allozyme, M - Mikrosatelliten, AFLP - Amplified Fragment Length Polymorphism), Anzahl untersuchter polymorpher Loci, Anzahl untersuchter Populationen. Der Fst- Wert bezieht sich auf alle berücksichtigten Populationen im Distanzbereich. Weiterhin werden eine Kurzbeschreibung des Lebensraumes und der Grund der Isolation der Populationen, sowie die Literaturquelle angegeben. Erweitert und stark verändert nach Drees (2003). ..... 145

## **Formelverzeichnis**

Formel 1: Berechnung der Käferfangdichte. .... 35

## 1 Einleitung

Auch in den vom Menschen intensiv genutzten Landschaften können sich anthropogen entstandene Sekundärhabitats entwickeln, die wegen ihrer Größe, Unzerschnittenheit und extensiven oder fehlenden Nutzung Ökosysteme mit hohem naturschutzfachlichen Wert aufweisen (Bornkamm 1993, Donath 1994, Blumrich & Fromm 1995, Blumrich et al. 1998). Nach einer Störung besteht die Möglichkeit, dass diese Habitats, wie Bergbaufolgelandschaften, Truppenübungsplätze, aber auch Steinbrüche oder Brachen unter bestimmten Voraussetzungen naturnahe Biozönosen bilden (Bradshaw 1989). Indem sie einen großen Teil des in der Umgebung vorhandenen Artenpools aufnehmen können (Brändle et al. 2003), tragen sie zur Sicherung der biologischen Vielfalt des Landschaftsraumes bei.

Infolge starker anthropogener Eingriffe, wie großflächige Bergbaumaßnahmen und Nutzungen als Truppenübungsplätze entstanden in der Niederlausitz große Offenlandschaften mit einer Gesamtfläche von über 100.000 ha (vgl. Felinks 2000, Wiegleb et al. 2000, Anders et al. 2004). Durch die Auswirkungen des Braunkohletagebaus verschwanden alle sozialen, infrastrukturellen und gewachsenen räumlichen Strukturen der Landschaft von den in Anspruch genommenen Flächen (Anders et al. 2007). Die Bergbaufolgelandschaft bietet, wie kaum ein anderes Gebiet in Mitteleuropa die Möglichkeit, Wiederbesiedlungen auf den infolge von massiven Eingriffen in die Landschaft entstandenen Offenlandflächen zu beobachten und zu analysieren. Hier kann der Prozess der Primärsukzession großflächig untersucht werden, da zum Zeitpunkt der Verkipfung die verkippten Substrate weder Diasporen noch höhere Organismen enthalten (Prach 1987, Begon et al. 1996). Durch die Ablagerung von tertiären Sanden in den Bergbaufolgelandschaften der Niederlausitz weisen diese ausgedehnte Sandflächen auf, so dass Tier- und Pflanzenarten der Sandlebensräume hier besonders gute Ansiedlungsbedingungen vorfinden. Bergbaufolgelandschaften sind ideale Standorte für Untersuchungen zur Erstbesiedlung durch Arthropoden (Neumann 1971, Müller 1978, Dunger 1990, 1991, Wiegleb et al. 2000, Brunk 2007).

Ähnlich große Offenlandflächen sind im Bereich ehemaliger Truppenübungsplätze vorhanden. Hier findet die Sukzession als Sekundärsukzession, nach permanenten Störungen, von nicht sterilen Substraten aus statt (Beier 2002, Brunk 2007). Die Niederlausitz bietet die seltene Möglichkeit, Primär- und Sekundärsukzessionen großflächig in geographischer Nähe zueinander zu untersuchen und zu vergleichen.

Die Schaffung neuer potenzieller Lebensräume, durch tief greifende oder permanente Störungen, beeinflusst die räumliche Struktur und die Überlebensfähigkeit von Populationen, indem Änderungen in der Habitatverfügbarkeit und den Umweltbedingungen auftreten. Nur wenn die genetische Diversität der Populationen der Sekundärhabitats ähnlich hoch ist, wie die benachbarter ungestörter oder natürlicher Standorte, sind diese Populationen in der Lage, sich an Veränderungen in der Landschaft und an Änderungen der Umweltbedingungen anzupassen (Amos & Balford 2001, Hansson & Westerberg 2002, Wang & Whitlock 2003). In neu zu besiedelnden Habitats finden häufig besonders in der Initialphase rasch ablaufende mikro-

evolutionäre Prozesse statt (Reznick & Ghalambor 2001). Solche Prozesse werden auch in Sekundärhabitaten, wie Bergbauhalden (z.B. Wu et al. 1975), beobachtet.

Umfangreiche Untersuchungen zum Zustand der Diversität (Biotoptypen, Artenzahl und Artabundanzen) während der Sukzession in der Bergbaufolgelandschaft der Niederlausitz wurden von Wiegler & Feliks (2001a und 2001b, Vegetation), Mrzljak & Wiegler (2000, Spinnen), Denkinger (2006, Vegetation), Krawczynski (2006, Collembolen) und Brunk (2007, Carabiden) durchgeführt. Über Änderungen der intraspezifischen genetischen Diversität im Verlauf der Sukzession in Bergbaufolgelandschaftsflächen ist bisher wenig bekannt.

Mit der vorliegenden Arbeit werden zwei Fallstudien vorgestellt, anhand derer Rückschlüsse auf die Entwicklung der genetischen Variabilität in gestörten und fragmentierten Landschaften gezogen werden. Weiterhin werden Aussagen über das Besiedlungsgeschehen in der Lausitz in Bergbaufolgelandschaften und auf Truppenübungsplätzen, getroffen.

Durch genetische Analysen ist es möglich, Austauschprozesse innerhalb und zwischen Populationen zu untersuchen und mögliche Rückschlüsse auf die Besiedlung und die geographische Herkunft der untersuchten Arten zu ziehen. Aus den Informationen über die Entwicklung der genetischen Diversität einer Population im Verlauf der Sukzession kann auf unterschiedliche Besiedlungsmechanismen geschlossen und Rückschlüsse über das Besiedlungsgeschehen auch in großflächigem Maßstab gezogen werden (z.B. Black-Samuelson et al. 1997, Durka 1999). Auch auf kleiner räumlicher Skala sind durch den Einsatz hoch polymorpher genetischer Marker genetische Differenzierungen nachweisbar, die Rückschlüsse auf den Genfluss erlauben (Neuffer et al. 1999, Dietz et al. 1999). Der Austausch von Individuen ist von der Habitatpräferenz und von der Mobilität der Art abhängig (Wiens 2002, Brouat et al. 2003). Auch Fragmentierung und das Vorhandensein bestimmter Habitattypen beeinflussen die räumliche Isolation einer Population und damit den genetischen Austausch (With 2004).

An der Laufkäferart *Calathus erratus* (Sahlberg 1827) wurden populationsgenetische Untersuchungen mittels Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLP, Voss et al. 1995) durchgeführt. Der Kenntnisstand zur Verbreitung der Laufkäfer und deren Faunistik in Mitteleuropa ist überdurchschnittlich gut (Desender et al. 1994, Niemelä 1996, Turin 1981, 2000, Köhler & Klausnitzer 1998). Ab Mitte der 1960er Jahre liegen verschiedene Arbeiten zu Laufkäfergemeinschaften in Bergbaufolgelandschaften, auch aus dem Lausitzer Braunkohle-revier vor (Brunk 2007). Für die vorliegende Analyse wurden Käferpopulationen anthropogen gestörter Standorte mit spontaner Vegetationsentwicklung (Bergbaufolgelandschaften - Primärsukzession) und stark gestörte unverkippte Standorte (ehemalige Truppenübungsplätze - Sekundärsukzession) verglichen. An euryöken abundanten Arten mit einer verringerten Ausbreitungsfähigkeit ist der Einfluss der Landschaftsstruktur auf die genetische Populationsstruktur gut nachweisbar.

Im Rahmen der zweiten Fallstudie wurden verschiedene Populationen des Sandohrwurmes *Labidura riparia* (Pallas 1773) genetisch mittels Mikrosatelliten analysiert. Bei dieser Analyse wurden Rückschlüsse über die Besiedlungswege in die Bergbaufolgelandschaft der Niederlausitz gezogen und Aussagen zum Herkunftsort der Tiere getroffen. Der Sandohrwurm zählt zu den charakteristischen Arten offener Sandflächen der Niederlausitz.

Unterschiede in der genetischen Diversität der Sandohrwurmpopulationen von Sekundärhabitaten (Bergbaufolgelandschaften, Truppenübungsplätze) und der möglichen Ursprungshabitate (Küste, Binnendüne) wurden postuliert. Weiterhin wird angenommen, dass die postglaziale Wiederbesiedlung Mitteldeutschlands durch *Labidura riparia* aus dem Osten und Südosten in den nord- und mitteldeutschen Raum entlang der Flusstäler erfolgte (Harz 1957, Müller-Motzfeld et al. 1990, Adis & Junk 2002).

Für beiden Fallstudien war die Klärung der folgenden Aspekte Gegenstand der vorliegenden Arbeit:

- Gibt es Unterschiede in der genetischen Diversität und der Populationsstruktur der Laufkäferpopulationen, bzw. Sandohrwurmpopulationen auf Flächen in den Bergbaufolgelandschaften und auf ehemaligen Truppenübungsplätzen?
- Sind Flaschenhals- (bottleneck) Situationen mit geringerer genetischer Variabilität in Bergbaufolgelandschaftspopulationen nachweisbar?
- Gibt es eine Korrelation zwischen genetischer Distanz und geographischer Distanz?
- Können Rückschlüsse auf das Besiedlungsverhalten und die geographische Herkunft der Käfer und der Sandohrwürmer in der Bergbaufolgelandschaft der Niederlausitz gezogen werden?

Zusätzlich wurden drei Szenarien entwickelt, um am Beispiel des Laufkäfers *Calathus erratus* die Entwicklung der genetischen Diversität von Populationen im Laufe der Sukzession (genetische Verarmung, Erhöhung oder Umbau der Population) aufzuzeigen:

- Szenario A: Anstieg der genetischen Diversität der Populationen im Laufe der Zeit durch stetige Einwanderung von Individuen mit neuen Genotypen (kontinuierliche Immigrationsprozesse).
- Szenario B: in den Populationen ist eine genetische Diversität mit mittleren Werten auf stabilem Niveau vorhanden, die auf eine persistierende Gründerpopulation oder ein Extinctions-Immigrations-Gleichgewicht zurückzuführen ist.
- Szenario C: die genetische Diversität sinkt in den Populationen im Laufe der Zeit, ausgehend von einer hohen Anfangsdiversität (Gründerpopulation), ab.

Abschließend wird ein Ausblick auf eine mögliche Entwicklung der beiden Insektenarten bei fortschreitender Sukzession im Landschaftsraum der Lausitz gegeben.



## **2 Material und Methoden**

### **2.1 Das Untersuchungsgebiet**

#### **2.1.1 Naturraumausstattung**

Die Niederlausitz befindet sich im östlichen Teil Deutschlands. Sie liegt ca. 130 km südöstlich von Berlin und ca. 100 km nördlich von Dresden. Damit nimmt sie den südlichen Bereich des Bundeslandes Brandenburg und den nordöstlichen Teil des Freistaates Sachsen ein.

Das Niederlausitzer Braunkohlerevier liegt im Übergangsbereich vom nordostdeutschen Tiefland zum ostsächsischen Hügel- und Bergland und ist naturräumlich dem Lausitzer Becken- und Heideland, sowie dem Oberlausitzer Heideland zuzuordnen (Meynen & Schmithüsen 1962). Das Landschaftsbild der Niederlausitz wurde vor allem durch das Wirken der Eiszeiten (besonders Saale- und Weichseleiszeit) geprägt. Im nördlichen Bereich der Lausitz lassen sich Grundmoränen mit Seen finden, im Süden schließen sich durch das Abtauen des Inlandeises entstandene Urstromtäler mit ausgedehnten Sanderflächen an. Diese von Ost nach West verlaufenden Urstromtäler gliedern die Landschaft in das durch die Weichseleiszeit entstandene Baruther Urstromtal im Norden (Lübben, Cottbus, Forst) und das saaleeiszeitliche Lausitzer Urstromtal im Süden (Dahme, Spremberg, Weißwasser). Zwischen diesen beiden Urstromtälern verläuft in nordwest-südöstlicher Richtung der „Lausitzer Grenzwall“, der Höhen von bis zu 170 m ü. N.N. aufweist. Die Geologie des Gebietes wird überwiegend durch Ereignisse und Ablagerungen während des Quartärs geprägt.

#### **2.1.2 Die Lausitzer Braunkohle**

Die Braunkohlenlagerstätten der Lausitz entstanden im Miozän vor ca. 15-20 Mio. Jahren. Damals erstreckte sich das norddeutsche marine Senkungsfeld bis in die Lausitz (Pflug 1998). Die wiederholten zeitweiligen Überflutungen bei tropischen Klimabedingungen führten zur Bildung eines mächtigen Braunkohlenmoores. Die Flöze wurden in sechs Kaltzeiten bei den Vorstößen des Inlandeises mit tertiärem und quartärem Material überlagert (Großer 1998), wobei die Deckschichten Mächtigkeiten von bis zu 120 m erreichten.

Das Vorkommen der Braunkohleflöze des Tertiärs ist von hoher wirtschaftlicher Bedeutung für die Lausitz.

Das oberflächennah gelegene erste Lausitzer Braunkohlenflöz, im Bereich des Niederlausitzer Landrückens, mit einer Mächtigkeit von 9-12 m ist nahezu vollständig abgebaut. Zurzeit erfolgt der Abbau des zweiten Lausitzer Flözes, das eine Mächtigkeit von 8-10 m aufweist. Hierzu werden Deckschichten von bis zu 120 m Stärke abgetragen. Die Grenzen des heutigen Lausitzer Braunkohlereviers decken sich mit der geographischen Ausdehnung des zweiten Lausitzer Flözhorizonts. Die Braunkohle im Lausitzer Braunkohlerevier wird, nach Angaben

der Vattenfall-Europe AG, derzeit in fünf Großtagebauen (Jänschwalde, Cottbus-Nord, Welzow-Süd, Nochten, Reichwalde) abgebaut (siehe Abbildung 1).

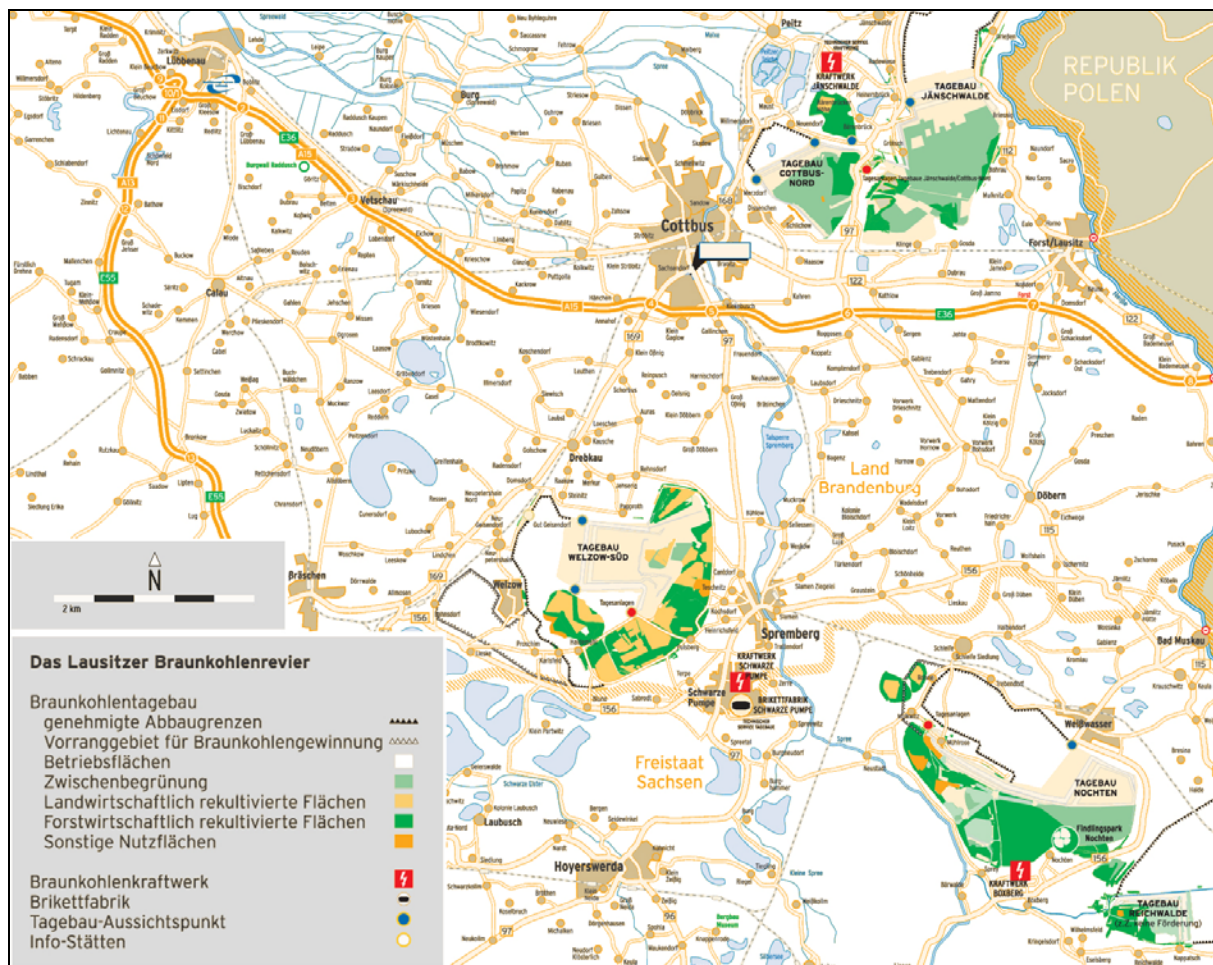


Abbildung 1: Übersicht über die geographische Lage der noch aktiven Tagebaue Jänschwalde, Cottbus-Nord, Welzow-Süd, Nochten und Reichwalde, stark verändert nach Vattenfall-Europe (2007).

Das Lausitzer Tiefland war ursprünglich durch Böden der Moor- und Sumpfstandorte, wie Lehm- und Tonböden mit vorwiegend Sand-, lehmigen Sand- und sandigen Lehmböden, geprägt. Diese Böden weisen eine geringe Bodenfruchtbarkeit auf, die sich in den Ackerzahlen von 23 bis 44 widerspiegelt (Hanke 1991). Mit über 70% forstwirtschaftlicher Nutzung stellt die Forstwirtschaft in der Niederlausitz die überwiegende Form der Landnutzung dar. Weiterführende Informationen hierzu sind den Publikationen von Wiegleb (1996), Blumrich et al. (1998), Mrzljak & Wiegleb (2000) und Wiegleb & Felinks (2001a, 2001b) zu entnehmen.

### 2.1.3 Klima

Das Lausitzer Braunkohlerevier liegt im kontinental geprägten Bereich des nordostdeutschen Tieflandes und lässt sich nach Hanke (1991) klimageographisch dem ostdeutschen Binnenklima mit vorherrschenden Westwinden zuordnen. Die Jahresmitteltemperatur im langjährigen Mittel (1961-1990) lag in Cottbus bei 8,9 C°, wobei die mittlere Jahresschwankung ca. 19 C° betrug. Um mögliche Einflüsse der klimatischen Verhältnisse (Lufttemperaturen, Nie-

derschläge) auf die Untersuchungen berücksichtigen zu können, wurden Klimadaten des Deutschen Wetterdienstes der Station Cottbus und der Wetterstation Zinnitz der BTU Cottbus, welche sich direkt in der Bergbaufolgelandschaft befindet, berücksichtigt (siehe Tabelle 1 und Tabelle 2). Im Untersuchungszeitraum (2001-2005) schwankten die Jahresmitteltemperaturen, bezogen auf die Klimastation in Cottbus, zwischen 9,5 C° und 10,1 C°. Bei Berücksichtigung der Klimastation der BTU Cottbus in Zinnitz, im unmittelbaren Umfeld des Hauptuntersuchungsgebietes Schlabendorf, waren die Schwankungen noch größer (vergleiche Tabelle 1). Die im langjährigen Mittel (1961-1990) gemessenen Niederschlagsmengen betrugen für Cottbus 563 mm/Jahr. Diese Mengen sind mit den Niederschlagssummen in Mitteldeutschland (550 mm/Jahr, Deutscher Wetterdienst) vergleichbar.

*Tabelle 1: Lufttemperatur in C° - langjähriges Mittel und jährliches Mittel im Untersuchungsgebiet der Jahre 2001 bis 2005, 1. Witterungsreport des deutschen Wetterdienstes Station Cottbus, 2. ZI: Zinnitz - Wetterstation der BTU Cottbus, #: keine vollständigen Monatsangaben verfügbar, \* für die Station Zinnitz waren nur Werte bis September 2005 verfügbar.*

Messstation	CB <sup>1</sup>	CB <sup>1</sup>	CB <sup>1</sup>	CB <sup>1</sup>	CB <sup>1</sup>	CB <sup>1</sup>	ZI <sup>2</sup>	ZI <sup>2</sup>	ZI <sup>2</sup>	ZI <sup>2</sup>
Messzeitraum	1961-1990	2001	2002	2003	2004	2005	2002	2003	2004	2005
<b>Januar</b>	-0,8	1,1	1,7	-0,7	-1,4	2,7	1,6	-0,4	-1,3	3,0
<b>Februar</b>	0,3	1,9	5,6	-1,8	2,7	-0,8	5,5	-1,8	8,5	-0,4
<b>März</b>	3,8	3,4	5,7	4,2	5,1	3,5	5,6	4,4	5,3	3,7
<b>April</b>	8,2	8,5	8,9	8,8	10,1	10,4	8,7	9	10,4	10,3
<b>Mai</b>	13,5	15,2	16,3	16,1	12,8	14,2	16,3	16,3	13,4	14,5
<b>Juni</b>	16,9	15,4	18	19,9	16,2	17	18,3	20,3	17,0	17,5
<b>Juli</b>	18,4	19,9	19,7	20	18,1	19,1	19,9	20,6	18,8	19,7
<b>August</b>	17,7	20,1	20,6	20,3	19,6	17	20,8	20,9	20,1	17,3
<b>September</b>	14	12,9	13,9	14,8	14,5	15,7	14,4	15,5	14,9	16,2
<b>Oktober</b>	9,5	13,4	8,4	6,2	10,4	11,2	8,8	6,4	10,8	#
<b>November</b>	4,6	3,9	4,3	6,2	4,6	4,5	4,3	6,5	4,8	#
<b>Dezember</b>	0,9	-0,4	-2,3	2	1,8	1,1	-2	2,2	2,0	#
<b>Jahresmittel</b>	8,9	9,6	10,1	9,7	9,5	9,6	10,2	10	10,4	11,3*
<b>mittlere Jahresschwankung</b>	19,2	20,5	22,9	22,1	21	19,9	22,8	22,7	21,4	20,1*

*Tabelle 2: Niederschlagsmengen in mm - langjähriges Mittel monatlicher und jährlicher Mengen im Untersuchungsgebiet der Jahre 2001 bis 2005, 1. Witterungsreport des deutschen Wetterdienstes Station Cottbus, 2. ZI: Zinnitz (Wetterstation der BTU Cottbus), #: keine vollständigen Monatsangaben verfügbar, \* für die Station Zinnitz sind nur Werte bis September 2005 verfügbar.*

Messstation	CB <sup>1</sup>	CB <sup>1</sup>	CB <sup>1</sup>	CB <sup>1</sup>	CB <sup>1</sup>	CB <sup>1</sup>	ZI <sup>2</sup>	ZI <sup>2</sup>	ZI <sup>2</sup>	ZI <sup>2</sup>
Messzeitraum	1961-1990	2001	2002	2003	2004	2005	2002	2003	2004	2005
<b>Januar</b>	36	26	30	44	52	50	40	24	41	37
<b>Februar</b>	29	28	75	5	41	36	56	0	23	29
<b>März</b>	33	63	27	32	36	21	11	20	21	8
<b>April</b>	42	34	70	20	17	14	47	17	15	22
<b>Mai</b>	57	36	74	12	50	65	76	13	48	55
<b>Juni</b>	65	29	26	50	57	68	27	64	44	52
<b>Juli</b>	54	59	40	85	98	168	61	52	71	154
<b>August</b>	69	37	137	9	62	126	185	9	68	88
<b>September</b>	50	97	43	25	20	48	57	28	25	39
<b>Oktober</b>	38	20	72	34	42	14	57	32	32	#
<b>November</b>	42	48	89	31	78	29	73	22	67	#
<b>Dezember</b>	48	50	28	38	39	72	22	25	36	#
<b>Gesamtsumme</b>	563	527	711	385	592	711	712	306	490	484*

Nach Einschätzung des Deutschen Wetterdienstes waren die Jahre 2001 und 2002 vergleichsweise zu warm und sehr nass (Starkregenereignisse besonders im August 2002). Das darauf folgende Jahr 2003 war markant zu warm und deutlich zu trocken. Auch 2004 war es meist deutlich zu warm, die Niederschläge erreichten erstmals seit 2001 wieder durchschnittliche Werte. Im Jahr 2005 war es zu warm und besonders in den Gebieten östlich der Elbe bedingt durch starke Niederschläge im Juli und August deutlich zu nass (Deutscher Wetterdienst 2001-2005).

Einen Überblick über die langjährigen klimatischen Verhältnisse der Untersuchungsregion ist am Beispiel der Messstation Cottbus in Abbildung 3 dargestellt. Starke Niederschläge erfolgten besonders in den Monaten Mai bis August. Die im Untersuchungsgebiet vorherrschenden Winde mit Anteile von mehr als 10% der Jahresstunden (Abbildung 2) kommen überwiegend aus südwestlichen, westlichen und östlichen Richtungen. Winde aus westlichen Richtungen (W, NW, SW) dominieren mit insgesamt über 40% Anteil im Gebiet.

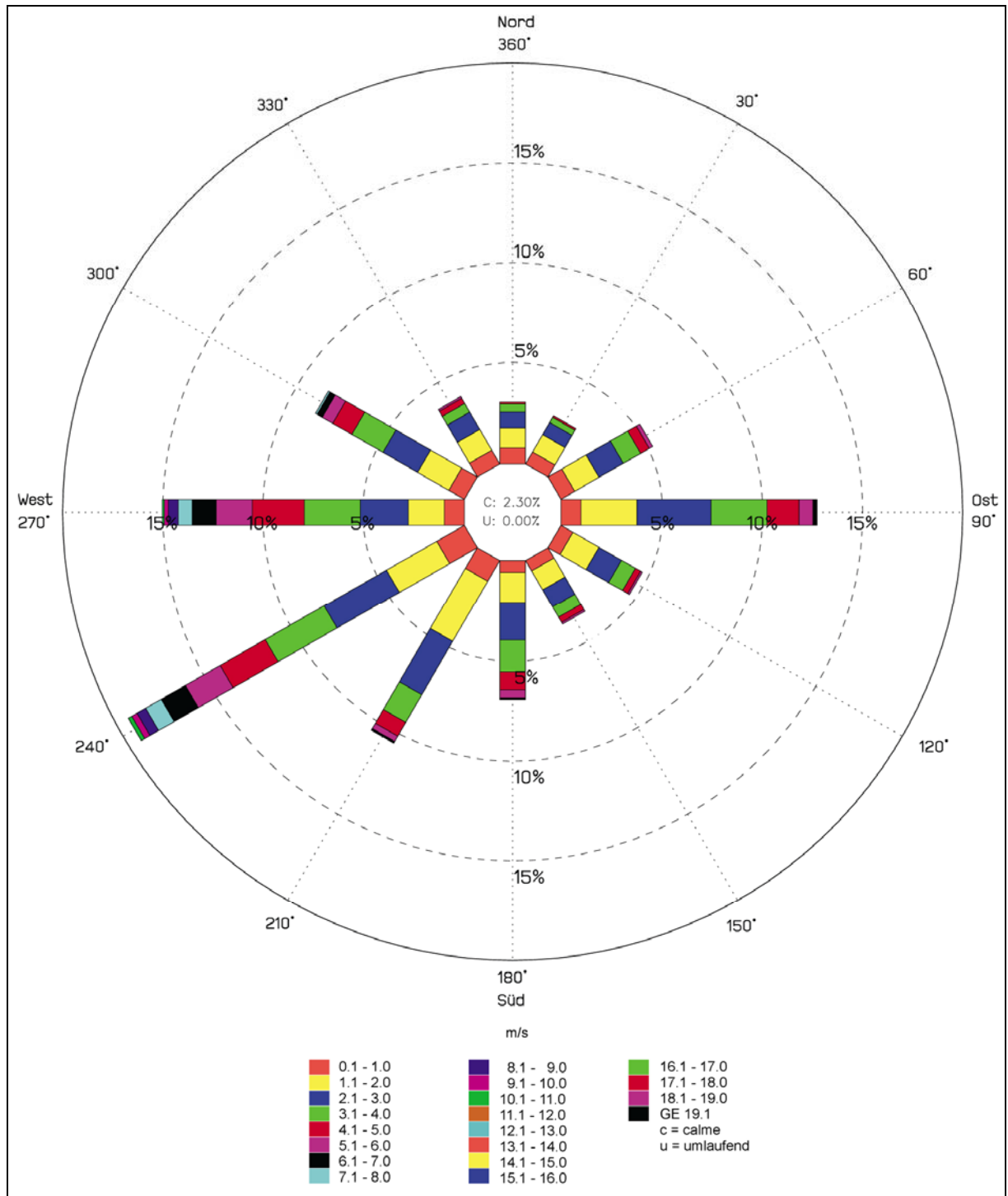


Abbildung 2: Stärkewindrose (in Prozent der Jahresstunden) für Cottbus, Zeitraum 1992-2001, die Längen der einzelnen Farbstufen entsprechen der Häufigkeit mit der die jeweilige Windgeschwindigkeit auf die angegebene Windrichtung auftrifft, Deutscher Wetterdienst.

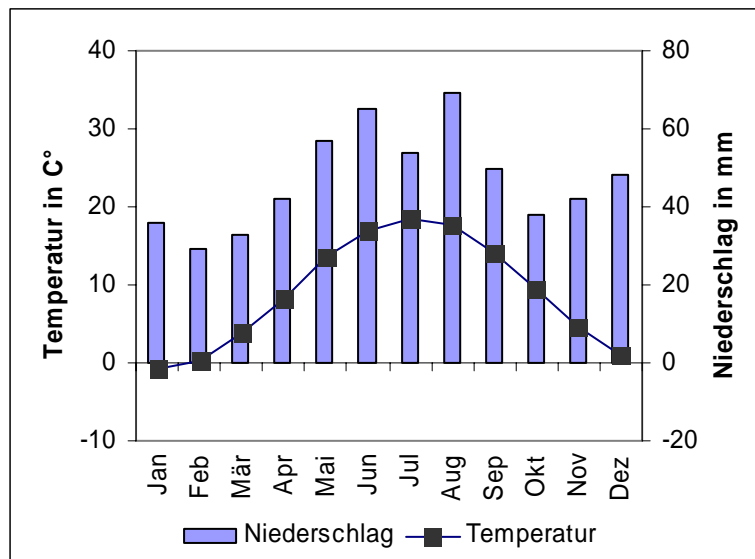


Abbildung 3: Klimadiagramm der Messstation Cottbus, langjähriges Mittel (1961-1990) der Lufttemperatur- und Niederschlagswerte, Deutscher Wetterdienst.

## 2.2 Untersuchungsstandorte

Die vorliegenden Studien untersuchen gestörte Offenlandstandorte - wie Bergbaufolgelandschaften und Truppenübungsplätze. Die Bergbaufolgelandschaften stellen Offenlandbereiche mit Primärsukzession und spontaner Vegetationsentwicklung nach der Verkipfung (nach Beendigung des Tagebaues) dar. Als Vergleichsstandorte wurden ehemalige Truppenübungsplätze, mit häufigen Störungen der Oberfläche auf gewachsenem Land und ungestörte Vergleichsflächen in die Untersuchung einbezogen.

Die Probenahmestandorte in der Bergbaufolgelandschaft wurden in ehemaligen Tagebaugeländen angelegt, die sich sowohl im Zeitpunkt der Beendigung der Abbautätigkeit (Zeit seit Verkipfung), als auch in ihrer geographischen Entfernung zueinander unterschieden: Schlabbendorfer Felder, Plessa, Cottbus-Nord und Leipzig. Andere Untersuchungsstandorte umfassen die ehemaligen Truppenübungsplätze Lieberose und Döberitz, sowie Vergleichsstandorte auf gewachsenem Land in Weissack, die Küstenstandorte Hiddensee und Altwap, sowie die Binnendüne in Klein-Schmölen und die Kalihalde in Sondershausen. Die genaue geographische Lage der Untersuchungsstandorte in Deutschland mit Angabe der geographischen Koordinaten ist in Kapitel 2.3.1 der Fallstudien über den Laufkäfer *Calathus erratus* und Kapitel 2.4.1 über den Sandohrwurm *Labidura riparia* zu entnehmen. Dort befinden sich auch fotografische Aufnahmen aller Probeflächen.

In Tabelle 3 - *Calathus erratus* - und Tabelle 10 - *Labidura riparia* - erfolgt eine Auflistung der Namen der Untersuchungsstandorte mit den jeweiligen Abkürzungen. Alle Untersuchungsgebiete befinden sich, wenn nicht anders angegeben, im Bundesland Brandenburg.

### 2.2.1 Schlabendorfer Felder

Die Schlabendorfer Felder liegen im südöstlichen Teil des Luckauer-Calauer Beckens und umfassen die ehemaligen Tagebaue Schlabendorf-Nord und Schlabendorf-Süd. Dieses Gebiet ist das Hauptuntersuchungsgebiet der vorliegenden Untersuchungen. Das Gelände fällt vom Lausitzer Grenzwall im Süden (von ca. 120 m NN) nach Norden flachwellig bis auf Höhen unter 60 m NN ab. In den Niederungen wird das Gebiet von verschiedenen Wasserläufen durchzogen. Die Braunkohlelagerstätten der Schlabendorfer Felder wurden im Zeitraum von 1959 bis 1991 abgebaut. Durch den Braunkohletagebau wurde jegliche Infrastruktur von den in Anspruch genommenen Flächen entfernt. Seit 1997 gehört das Gebiet zum Naturpark Niederlausitzer Landrücken. Im Jahr 2000 erwarben die Heinz-Sielmann-Stiftung die ersten Flächen. Inzwischen sind ca. 3000 ha Bergbaufolgelandschaft der Schlabendorfer Felder in ihrem Besitz.

#### Schlabendorf-Süd

Der Bereich des ehemaligen Tagebaues Schlabendorf-Süd ist süd-westlich der Ortschaft Schlabendorf gelegen. Im Jahre 1972 begannen die Entwässerungsmaßnahmen, die Aufschlussbaggerung erfolgte 1975. Ab 1977 erfolgte der Braunkohlenabbau im Regelbetrieb mit Abraumförderbrücken. Mit der Stilllegung der Pflugkippen 1992 wurde der Tagebau eingestellt (Braunkohlenausschuss 1994a). Insgesamt nahm der Tagebau 3300 ha Fläche in Anspruch.

Probenahmestandorte: *Calathus erratus*-Projekt: cP, SN, SO, SW, SS, See, Dorf, *Labidura riparia*-Projekt: cP, SN, SO, SW, SS, Dorf. Die Abkürzungen der Flächenbezeichnungen sind in Tabelle 3 (*Calathus erratus*) und Tabelle 10 (*Labidura riparia*) erklärt.

#### Schlabendorf-Nord

Der ehemalige Tagebau Schlabendorf-Nord befindet sich südwestlich der Stadt Lübbenau, nordöstlich der Ortschaft Schlabendorf. Bereits 1959 begannen die Vorarbeiten für den Tagebau mit der Aufschlussbaggerung. Ab 1961 wurde mit der Kohlegewinnung begonnen. 1977 erreichte der Tagebau Schlabendorf-Nord seine Endstellung. Bis zum Auslaufen des Tagebaues wurden 137 Mio. t Kohle, bei einer Flächeninanspruchnahme von 2500 ha, gefördert. Im Abbaubietes Schlabendorf-Nord bestimmten vor der bergbaulichen Nutzung Äcker, Grünland und Nadelwald die Landschaft (Braunkohlenausschuss 1994a).

Probenahmestandorte: *Calathus erratus*-Projekt: Nord, *Labidura riparia*-Projekt: Nord.

### 2.2.2 Übrige Untersuchungsgebiete in der Bergbaufolgelandschaft

#### Koyne/Plessa

Das Gebiet gehört zum Lausitzer Becken- und Heideland und liegt zwischen den Städten Finsterwalde, Lauchhammer und Bad Liebenwerda. Neben Hochflächen gehörten Feucht- und Teichgebiete zum vorbergwerklichen Landschaftsbild der Gegend. Der Abbau der Rohbraun-

kohle in diesem Gebiet begann bereits Anfang des 19. Jh. Zunächst wurden die Oberflözlagertstätten abgebaut. Ab 1885 erfolgte der Abbau dann in der Tagebautechnik. Der Tagebau Agnes (1897 bis 1958) war der Vorläufer des Tagebaues Plessa. Im Tagebau Plessa wurde von 1929 bis 1958 Kohle abgebaut (Braunkohlenausschuss 1994b, 1997). Das ursprüngliche Landschaftsbild war durch forstwirtschaftliche Nutzung geprägt. Die Untersuchungsstandorte befanden sich am „Weißen Berg“.

Probenahmestandorte: *Calathus erratus*-Projekt: Ple, *Labidura riparia*-Projekt: PleO, PleU.

### **Cottbus-Nord**

Der Tagebau Cottbus-Nord befindet sich östlich und nordöstlich der Stadt Cottbus. Der Aufschluss des Tagebaues erfolgte in den Jahren 1975 bis 1982 im Nordosten der Lagerstätte. Die Kohleförderung begann im Jahre 1981. Bis zur Auskohlung im Jahre 2017 wird die Abbaufläche ca. 2700 ha betragen. Für das Gebiet ist danach die Einrichtung eines Restsees geplant (Braunkohlenausschuss 1994c).

Probenahmestandorte: *Calathus erratus*-Projekt: keine Nachweise von *Calathus erratus*, *Labidura riparia*-Projekt: CB.

### **Leipzig/Profen-Süd (Sachsen-Anhalt)**

Der Tagebau Profen ist im Weißeelsterbecken südlich der Stadt Leipzig an der Grenze zu Sachsen gelegen und besteht aus den drei Abbaufeldern Profen-Süd, Schwerzau und Domsen. Der Aufschluss des Tagebaues erfolgte im Jahre 1941. Eine Kohleförderung findet voraussichtlich noch bis zum Jahre 2008 in den beiden Abbaufeldern Profen-Süd und Schwerzau statt. Ab 2015 soll ein schrittweiser Übergang von Schwerzau in das dritte Abbaufeld Domsen erfolgen. Die Laufzeit des Tagebaues Profen wird etwa 2030 enden (Mitteldeutsche Braunkohlengesellschaft 2002).

Probenahmestandorte: *Labidura riparia*-Projekt: L.

## **2.2.3 Vergleichsstandorte auf ehemaligen Truppenübungsplätzen**

### **Lieberose**

Der ehemalige Truppenübungsplatz Lieberose befindet sich nördlich der Stadt Cottbus in der Umgebung der Städte Peitz und Lieberose. Mit ca. 27000 ha war der Truppenübungsplatz der größte Übungsplatz der ehemaligen DDR. Im 19. und 20. Jh. war das Gebiet überwiegend durch Aufforstungen durch Kiefermonokulturen geprägt, die noch heute das Waldbild bestimmen. Mit der Anlage des Truppenübungsplatzes wurde in den letzten Jahren des zweiten Weltkrieges begonnen. Durch mehrere Waldbrände in den Jahren 1942/43 entstehen große Offenflächen. Ab 1954 begann die sowjetische Armee den Truppenübungsplatz auszubauen und bis zum Jahre 1992 für Manöver und zum Schießbetrieb zu nutzen (Nüßgen 2003, Dieke 2006).



Probenahmestandorte: *Calathus erratus*-Projekt: Lieb, Holz, *Labidura riparia*-Projekt: Lieb, Lieb+.

## **Döberitzer Heide**

Die Döberitzer-Heide ist naturräumlich dem Gebiet der Mittelbrandenburgischen Platten und Niederungen zuzuordnen. Das zwischen Berlin-Spandau und Potsdam gelegene Gebiet ist ca. 4700 ha groß und kann auf eine ca. 300 jährige militärische Nutzung zurückblicken (Beier & Korge 2001). Durch die Nutzung entstanden große offene Sandflächen. 1991 zogen die sowjetischen Truppen ab. Im Jahre 2004 wurden große Teile des Gebietes von der Heinz-Sielmann-Stiftung übernommen.

Probenahmestandorte: *Calathus erratus*-Projekt: Wü, *Labidura riparia*-Projekt: DoeW, DoeS.

### **2.2.4 Vergleichsstandorte in anderen Gebieten**

#### **Hiddensee (Mecklenburg-Vorpommern)**

Die ca. 19000 ha große Insel Hiddensee ist der Insel Rügen westlich vorgelagert. Hiddensee entstand vor ca. 12000 Jahren während der letzten Eiszeit. Die Insel wird durch die wirkenden Meeresströmungen weiter stetig verändert. Die an der Nordspitze abgetragenen Landmassen werden an der Südspitze und an der Ostseite wieder angespült. So entstanden auch die beiden Sandhaken Alter Bessin und Neuer Bessin, die sich im nordöstlichen Bereich der Insel befinden (Hagge & Liedl 1996, Hoyer 2001). Seit 1990 gehört Hiddensee zum Nationalpark Vorpommersche Boddenlandschaft.

Probenahmestandorte: *Labidura riparia*-Projekt: Hid, Hid+.

#### **Düne Altwarp (Mecklenburg-Vorpommern)**

Die Altwarper Dünen mit Höhen bis zu 15 m sind östlich von Ueckermünde direkt an der Grenze zu Polen am Oderhaff gelegen. Der Binnendünenbereich entstand nach dem Abschmelzen des Eises nach dem Ende der Weichselkaltzeit vor ca. 15000 Jahren. Die Entstehung der Dünen ist auf die Wirkung von West- und Nordwestwinden zurückzuführen (Granitzki & Reincke 2003). Auf einer Länge von ca. zwei Kilometern ist die Binnendüne unbewaldet. Das Gebiet ist seit 1990 Naturschutzgebiet.

Probenahmestandorte: *Labidura riparia*-Projekt: Alt.

#### **Binnendüne Klein-Schmölen (Mecklenburg-Vorpommern)**

Die Binnendüne in Klein-Schmölen, welche sich nördlich des Flusses Elbe in der Nähe der Stadt Dömitz befindet, entstand ebenfalls am Ende der Weichselkaltzeit vor ca. 15000 Jahren. Infolge von Massentransportprozessen durch den Wind entstand in der Nähe der Elbe diese Binnendüne, welche Höhen bis zu 43 m über NN erreicht und eine Fläche von ca. 110 ha be-

deckt (Schulz 1998). Das Gebiet steht unter Naturschutz und gehört zum Naturpark Mecklenburgisches Elbetal.

Probenahmestandorte: *Labidura riparia*-Projekt: Dü, Dü+.

## Weissack

Der Untersuchungsstandort Weissack ist ca. 5 km entfernt von der Bergbaufolgelandschaft Schlabendorfer Felder gelegen und befindet sich zwischen der Ortschaft Weissack und dem Ortsteil Weissacker Pechhütte. Die nächsten Städte in der Umgebung sind Luckau und Finssterwalde. Die Offenfläche entstand durch die Schaffung einer Elektro- und Gastrasse und ist von größeren Waldgebieten umgeben.

Probenahmestandorte: *Calathus erratus*-Projekt: Weis.

## Kalihalde Sondershausen (Thüringen)

Bei der Halde in der Nähe von Sondershausen handelt es sich um eine Rückstandshalde der Kaliindustrie in Nordthüringen. Die Halde besteht aus Abraum des Kalibergbaues, hauptsächlich aus dem leichtlöslichen Kochsalz (NaCl), Resten des ebenfalls leichtlöslichen Kaliumchlorid (KCl) und dem schwerlöslichen Anhydrit (CaSO<sub>4</sub>). Bedingt durch die geringe Wasserrückhaltefähigkeit und den hohen Salzgehalt dieser Halden findet meist keine natürliche Ansiedlung von Pflanzen statt (Kahl et al. 2000). Die Halde entstand ab 1893 und wurde bis 1993 systematisch vergrößert (Schmidt 2007).

Probenahmestandorte: *Labidura riparia*-Projekt: Son.

## 2.3 Modellorganismus *Calathus erratus*

Um eine als Modellorganismus geeignete Laufkäferart für die Untersuchungen zu finden, wurden Voruntersuchungen in der Bergbaufolgelandschaft Schlabendorf-Süd durchgeführt. Ansprüche an die Untersuchungsart waren, dass sich die auszuwählende Käferart einfach mit Lebendfallen fangen lässt, in höheren Abundanzen in Offenlandbereichen der Bergbaufolgelandschaft und auf ehemaligen Truppenübungsplätzen auftritt und möglichst nicht flugfähig ist. Besonders die beiden Laufkäferarten *Calathus ambiguus* (Paykull 1790) und *Calathus erratus* (Sahlberg 1827) konnten mittels der in den Boden eingegrabenen Blumenkästen in höheren Stückzahlen erfasst werden. Beide Arten gehören zur Gattung der Kahnläufer (*Calathus*). *Calathus erratus* weist im Gegensatz zum obligat beflügelten *Calathus ambiguus* eine dimorphe Flügelausprägung auf und wird in Deutschland fast ausschließlich als kurz geflügelte Morphe nachgewiesen (Barndt et al. 1991, Turin 2000, Beier 2002). Diese Art wurde als Untersuchungsart ausgewählt (Abbildung 4, Größe ca. 8-12 mm). Makroptere Individuen können potentiell fliegen (Geipel & Kegel 1989), lang geflügelte Käfer sind allerdings in Zentraleuropa selten.



Abbildung 4: Der Laufkäfer *Calathus erratus* (Foto: Michael Dieke).

Der Kenntnisstand über die Familie der Laufkäfer ist vergleichsweise hoch; sie gehören zu den am besten untersuchten Invertebratengruppen (Desender et al. 1994, Niemelä 1996). Sie sind eine sehr artenreiche Käferfamilie. Weltweit sind ca. 32000 Arten beschrieben (Lorenz 2005), in Mitteleuropa kommen etwa 770 Arten vor (Turin 1981). Die Habitatansprüche der Arten, sowie ihre Verbreitung sind besonders in Mitteleuropa gut untersucht (Köhler & Klausnitzer 1998, Turin 2000). Zu den Aspekten Kolonisierung und Artbestand von Laufkäfern und anderen Arthropodengruppen in stark anthropogen beeinflussten Landschaften wurden viele Untersuchungen z.B. auf neu entstandenen Grasflächen (Purvis & Curry 1980), jungen Poldern (Den Boer 1971, 1977, Meijer 1989) oder jungen Düneninseln (Plaisier 1988) durchgeführt.

Die Untersuchungsart *Calathus erratus* hat ihr Schwerpunktverkommen in Brandenburg auf Sandtrockenrasen, wird aber auch in anderen Habitaten wie Ruderalfluren, Ackerunkrautfluren und Sandmagerrasen (Thiele 1977, Gebert & Hoffmann 1996, Scheffler et al. 1999) besonders während früher Sukzessionsstadien häufig nachgewiesen. Die Pionierart wird als eurytop und xerophil beschrieben (Lindroth 1945a, 1945b, 1985, 1986, Barndt et al. 1991). Sie bevorzugt im Gegensatz zu *Calathus ambiguus*, dessen Verbreitungsschwerpunkt auf vegetationsarmen Sandflächen liegt, Flächen mit etwas stärkerer Vegetationsbedeckung (Grube & Beier 1998). Bei *Calathus erratus* wird eine Generationszeit von einem Jahr angenommen. Die Larven entwickeln sich im Winter und beginnendem Frühjahr (Trautner et al. 1997). Die Käfer schlüpfen im Juli und beginnen schnell mit der Reproduktion (Thiele 1977, den Boer & den Boer-Daanje 1990, Barndt et al. 1991).

Im Untersuchungsgebiet besiedelt *C. erratus* junge Bergbaufolgelandschaften mit schütterer Vegetation (Brunk 2007) und verbleibt dort während der Sukzession, bis der Boden dicht mit Vegetation bedeckt ist (Neumann 1971).

### 2.3.1 Untersuchungsgebiet

Im Rahmen der vorliegenden Studie wurden verkippte Standorte der Bergbaufolgelandschaft (Primärsukzession) und ehemalige Truppenübungsplätze (Sekundärsukzession) auf stark gestörten gewachsenen Boden untersucht. Zur Untersuchung der räumlichen Populationsstruktur der Laufkäferart *Calathus erratus* erfolgte im Sommer 2002 die Beprobung von 13 Standorten (Tabelle 3, Abbildung 5 und Abbildung 6).

Die geographischen Entfernungen zwischen benachbarten Standorten betrugen zwischen einem und 125 km. Die Untersuchungsstandorte in der Bergbaufolgelandschaft unterschieden sich zusätzlich in ihrem Alter (Zeit nach Verkipfung). Am jüngsten Untersuchungsstandort in der Bergbaufolgelandschaft Schlabendorf-Süd (14 Jahre nach Verkipfung) wurden die Käfer in verschiedenen Entfernungen (1 km und 5 km) ausgehend von einem zentralen Punkt (cP) gesammelt. Weitere Untersuchungsstandorte befanden sich in den älteren Bergbaufolgelandschaften Schlabendorf-Nord (27 Jahre) und Koyne/Plessa (56 Jahre) sowie auf den ehemaligen Truppenübungsplätzen Lieberose und Döberitz. Bei gezielter Suche am frisch verkippten Standort Cottbus-Nord (ca. 2 Jahre nach Verkipfung) wurden an den untersuchten Punkten keine Individuen von *Calathus erratus* nachgewiesen. Fotografische Aufnahmen der Standorte sind Abbildung 6 zu entnehmen.

*Tabelle 3: Liste der Untersuchungsstandorte der Untersuchung an Calathus erratus mit Klassifizierung der Untersuchungsgebiete, Entfernung zum zentralen Punkt = cP (in km), Alter (Zeit seit Verkipfung) und Angabe der geographischen Lage (geographische Koordinaten. Vergleiche die geographischen Koordinaten der gleichnamigen Untersuchungsstandorte der Untersuchung an Labidura riparia.*

Untersuchungsgebiet	Standort	Entfernung von cP in km	Alter (2002)	Geographische Koordinaten (N, O)	
Bergbaufolgelandschaften					
Schlabendorf-Süd	cP	-	14	51°46′40.3	13°45′19.6
	NO	1	14	51°46′50.0	13°46′11.1
	SO	1	14	51°45′59.2	13°45′55.4
	NW	1	14	51°46′49.5	13°44′37.0
	SW	1	14	51°46′07.5	13°44′37.1
	Dorf	5	14	51°48′37.5	13°47′54.5
	See	5	14	51°45′15.5	13°49′17.8
(gewachsenes Land)	Weis	5	-	51°45′16.3	13°41′08.2
Schlabendorf Nord	Nord	10	27	51°49′13.8	13°41′08.2
Plessa	Ple	33	56	51°29′37.0	14°37′47.4
Ehemalige Truppen- übungsplätze					
Lieberose	Lieb	50	Gestört	51°56′10.5	14°24′20.0
	Holz	51	Gestört	51°56′39.2	14°24′18.3
Döberitz (Wüste)	Wü	95	Gestört	52°30′26.1	13°01′05.0

Die im Rahmen der Untersuchung am Sandohrwurm *Labidura riparia* beprobten gleichnamigen Untersuchungsstandorte in Schlabendorf befanden sich teilweise einige Kilometer von denen der *Calathus erratus*-Studie entfernt (vgl. geographische Koordinaten Tabelle 3 und Tabelle 25).

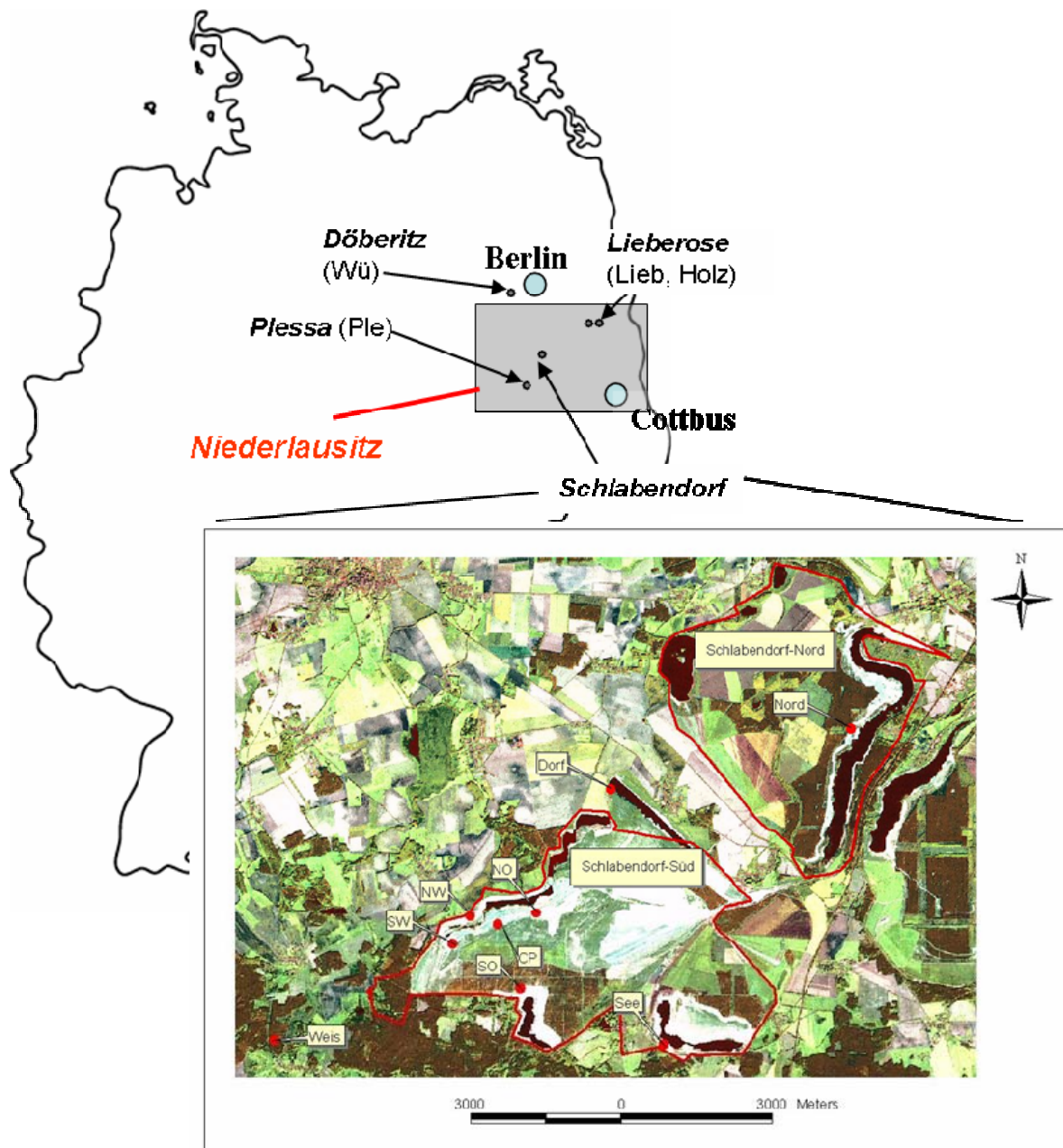


Abbildung 5: Geographische Lage der 13 beprobten Untersuchungsstandorte der *Calathus erratus*-Studie mit dem Hauptuntersuchungsgebiet Schlabendorf (GIS-Graphik: Effah Kwabena Antwi).



## **Bergbaufolgelandschaften**

### **Schlabendorf-Süd**

zentraler Punkt (cP) (2001)



NO (2002)



SO (2002)



NW (2002)



SW (2002)



Dorf (2002)



See (2002)



Weis (2002)



**Schlabendorf-Nord**

Nord (2001)

**Plessa**

Ple (2001)

**Truppenübungsplätze****Lieberose**

Lieb (2006)



Holz (2006)

**Döberitz**

Wü (2006)



Abbildung 6: Fotografische Übersicht der Untersuchungsstandorte der *Calathus erratus*-Studie mit Angabe der Aufnahmejahre.



### 2.3.2 Erfassungsmethode und Probenahme

Während der Vegetationsperiode 2002 wurden alle 13 Probenahmestandorte beprobt. Drei Untersuchungsstandorte (Schlabendorf-Süd zentraler Untersuchungspunkt: cP, Plessa: Ple und Schlabendorf-Nord: Nord) wurden auch in den Jahren 2001 und 2003 beprobt, um den Einfluss des Faktors Zeit auf die Entwicklung der Käferpopulationen abschätzen zu können.

Der Käferlebensfang erfolgte mit fünf in den Boden eingebrachten Blumenkästen (Plastik, ca. 100 cm x 25 cm x 20 cm). Zur Erhöhung der Fangeffizienz wurden die Fallen im Zickzack-Design angeordnet (Abbildung 7). Das Anbringen von kleinen Löchern in den Kastenböden ermöglichte das Abfließen von Regenwasser.



Abbildung 7: Probenahme-Design für den Fang der Laufkäfer, Anordnung der Lebendfallen (Blumenkästen) im Zickzack-Muster am Untersuchungsstandort Plessa (Ple).

Die Lebendfallen waren von Juli bis Oktober im Einsatz und wurden einmal pro Woche geleert. Die Konservierung der gefangenen Käfer erfolgte in flüssigem Stickstoff. Insgesamt wurden 316 *Calathus erratus* Individuen gefangen. Die genetischen Analysen erfolgten an sechs bis acht Käfern (männliche und weibliche Tiere) je Probenahmestandort. Nach der DNA-Extraktion wurden die verbliebenen Käfertorsi nochmals genitaliter geprüft (Abbildung 8) und der Beflügelungsstatus der Tiere dokumentiert. Untersuchungen zum Zustand der Flugmuskulatur fanden nicht statt. Für Vergleichszwecke wurden zusätzlich einige *Calathus ambiguus*-Individuen gefangen, die morphologisch große Ähnlichkeiten zu *Calathus erratus* aufweisen. Mittels Genitalpräparation sind männliche Individuen von *Calathus erratus* und *Calathus ambiguus* gut voneinander zu unterscheiden. *Calathus erratus* weist einen abgeplatteten pfeilförmigen Aedoeagus (Abbildung 8a) auf. Bei *Calathus ambiguus* ist der Aedoeagus löffelförmig (Abbildung 8b).



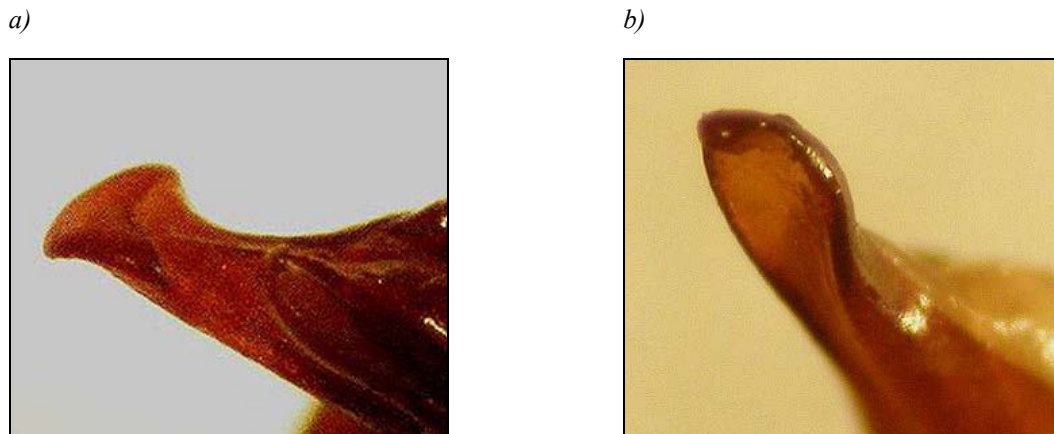


Abbildung 8: Gegenüberstellung eines männlichen Genitales von *Calathus erratus* (a) und *Calathus ambiguus* (b).

### 2.3.3 Bodenparameter

An den Untersuchungsstandorten im Hauptuntersuchungsgebiet Schlabendorf wurden je Standort in unmittelbarer Umgebung der Lebendfallen drei Bodenproben in Form einer Mischprobe gezogen. Die Bodenparameter pH-Wert, Leitfähigkeit, Wassergehalt, maximale Wasserhaltekapazität,  $\text{PO}_4^{3-}$ ,  $\text{NH}_4^+$ ,  $\text{NO}_3^-$ , sowie Skelettgehalt, Grobsand-, Mittelsand-, Feinsand- und Schluffanteil wurden, wie bei Felinks (2000) und Brunk (2007) beschrieben, ermittelt. Bei der Betrachtung der Bodenparameter und der Korngrößenanteile der einzelnen Standorte (Tabelle 4 und Tabelle 5) wird deutlich, dass die Parameter sehr variabel sind und teilweise extreme Schwankungen aufweisen.

Tabelle 4: Bodenparameter der Untersuchungsstandorte der *Calathus erratus*-Studie im Untersuchungsgebiet Schlabendorf, maximale Werte - fett, minimale Werte - kursiv hervorgehoben, nb - nicht bestimmbar <0,02.

Fläche	pH-Wert		Leitfähigkeit [ $\mu\text{s}/\text{cm}$ ]	Wassergehalt [%]	max.Wasser- kapazität [%]	$\text{PO}_4^{3-}$ [mg/100g]	$\text{NH}_4^+$ [ $\mu\text{g}/\text{g}$ ]	$\text{NO}_3^-$ [ $\mu\text{g}/\text{g}$ ]
	$\text{CaCl}_2$	$\text{H}_2\text{O}$						
cP	6,35	6,62	31,60	1,69	29,43	nb	nb	0,64
NO	5,79	6,30	40,00	1,83	28,62	0,77	0,04	0,62
SO	6,29	7,12	29,90	2,03	28,08	0,16	<b>0,02</b>	0,54
NW	6,35	6,86	26,23	4,09	30,98	nb	nb	0,42
SW	<b>7,25</b>	<b>8,62</b>	<b>76,90</b>	<b>0,97</b>	<b>24,54</b>	0,36	<b>0,39</b>	0,15
Dorf	5,79	6,47	42,90	<b>4,45</b>	30,02	0,51	nb	0,61
See	4,12	5,19	<b>17,00</b>	2,81	25,72	<b>0,92</b>	nb	<b>0,04</b>
Weis	<b>3,77</b>	<b>4,61</b>	18,60	1,72	29,06	<b>0,91</b>	0,10	<b>1,20</b>
Nord	4,47	5,35	18,13	1,76	25,54	<b>0,04</b>	0,08	0,55

Durch die angewandten Rekultivierungsverfahren mit dem Aufschieben von Rippen bei der nachbergbaulichen Verkipfung (Pflug 1998) wurden verschiedenste Substrate auf engstem Raum nebeneinander verkippt. So wurden schon bei geographischen Entfernungen von 1 km zwischen den Probepunkten in Schlabendorf große Unterschiede bei den Bodenparametern sichtbar. Besonders der Standort See am Ufer des zukünftigen Fürstlich Drehnaer Sees und der Standort Weis auf gewachsenem Land nahe der Ortschaft Weissack wiesen Extreme im Bereich der Phosphat-Konzentrationen auf, auch waren die pH-Werte hier besonders niedrig. Am Standort See wies der Boden besonders hohe Skelett- und Grobsandanteile auf, während am Standort Weis diese Anteile besonders niedrig waren.

*Tabelle 5: Korngrößen des Bodens im Umfeld der Fallenstandorte der Untersuchungsstandorte der Calathus erratus-Studie im Untersuchungsgebiet Schlabendorf, maximale Werte - fett, minimale Werte - kursiv hervorgehoben.*

Fläche	Skelett >2mm	Grobsand 2mm-630µm	Mittelsand 630-224µm	Feinsand 224-63µm	Schluff+Ton <63µm
cP	7,28 g	30,09 g	123,38 g	228,73 g	7,24 g
NO	6,30 g	27,58 g	124,77 g	<b>232,35 g</b>	5,80 g
SO	11,96 g	53,55 g	161,54 g	159,59 g	10,83 g
NW	10,58 g	46,80 g	191,60 g	139,64 g	9,88 g
SW	12,79 g	50,17 g	183,03 g	142,70 g	8,28 g
Dorf	30,93 g	57,88 g	<b>201,79 g</b>	93,93 g	12,99 g
See	<b>60,09 g</b>	<b>102,82 g</b>	<i>127,54 g</i>	<i>73,89 g</i>	<b>31,85 g</b>
Weis	<i>3,13 g</i>	<i>15,95 g</i>	173,20 g	195,39 g	8,60 g
Nord	7,22 g	44,42 g	155,98 g	183,88 g	<b>4,71 g</b>

Bei der Betrachtung der Deckungswerte der einzelnen Vegetationsschichten (nähere Angaben zur Aufnahmetechnik in Denkinger & Wiegler 2006 und Denkinger & Wiegler 2007), zeigten die Standorte Nord und Weis Besonderheiten. Der ältere Standort Schlabendorf-Nord (Nord) wies eine hohe Deckung der Moos- und Kryptogamenschicht und der Gesamtdeckung auf. Der Lückenanteil in der Vegetation betrug nur 17%. Der auf gewachsenem Land gelegene Standort Weis wies die geringsten Deckungswerte in der Strauchschicht auf. Dagegen wurden hohe Deckungsgrade bei der Moos-, Streu- und Krautstreuschicht erreicht.

Die übrigen Standorte wiesen hohe Lückenanteile in der Vegetationsdeckung von über 50% auf. Die Gesamtdeckung erreichte Werte von maximal 50% (Tabelle 6)

Tabelle 6: Deckungswerte (direkte Prozente auf einer Fläche von 4 x 4m) der Vegetation an den Untersuchungsstandorten der *Calathus erratus*-Studie im Hauptuntersuchungsgebiet Schlabendorf, maximale Werte - fett, minimale Werte - kursiv hervorgehoben, D - Deckung in %.

Fläche	D Krautschicht [%]	D Gehölz Juvenil [%]	D Moose [%]	D Krypto- gamen [%]	D Streu [%]	D Kraut- streu [%]	Lücke [%]	D ges. [%]	Arten- zahl
cP	13,0	-	0,1	0,1	1,0	1,0	<b>87,0</b>	13,0	<b>16,0</b>
NO	<b>45,5</b>	-	0,5	0,5	0,3	0,3	54,0	46,0	8,0
SO	28,0	-	0,5	0,5	-	-	<b>71,5</b>	28,5	14,0
NW	14,0	-	1,3	1,3	0,1	0,1	<b>85,0</b>	<b>15,0</b>	15,0
SW	21,0	0,3	1,0	1,0	0,1	0,1	<b>78,0</b>	22,0	11,0
Dorf	45,0	-	-	-	-	-	55,0	45,0	11,0
See	14,5	-	25,0	25,0	0,5	0,1	50,0	50,0	14,0
Weis	<b>3,6</b>	0,1	<b>40,0</b>	48,0	<b>10,0</b>	<b>10,0</b>	48,5	51,5	<b>5,0</b>
Nord	30,0	-	<b>65,0</b>	<b>66,0</b>	-	-	<b>17,0</b>	<b>83,0</b>	8,0

### 2.3.4 Käferfangdichten

Die *Calathus erratus*-Individuen wurden im Zeitraum von Juli bis Oktober 2002 an den einzelnen Untersuchungsstandorten gefangen. Die Lebendfallen wurden so lange fangfähig gehalten und geleert, bis ca. 70 Käfer pro Fläche erfasst werden konnten. Eine Aktivitätsdichtenermittlung der Käfer für die einzelnen Untersuchungsstandorte war deshalb schwierig. Mit der folgenden Formel (Formel 1) wurden für das Hauptuntersuchungsgebiet Schlabendorf eine Käferfangdichte für einen vergleichbaren Zeitraum (Leerungsdaten 06.08.2002 und 10.08.2002) errechnet.

Formel 1: Berechnung der Käferfangdichte.

$$\text{Käferfangdichte} = \text{Anzahl der gefangenen Individuen} / \text{Anzahl der Tage, an denen die Lebendfallen ausgebracht waren}$$

Überdurchschnittlich hohe Käferfangdichten mit Werten über drei wurden für die Standorte Nord, cP und See ermittelt (Abbildung 9). Mit einer Gesamtanzahl von 80 bis 93 Individuen im gesamten Fangzeitraum wurden an diesen Standorten die meisten Käfer gefangen (Tabelle 7). Sehr geringe Käferfangdichten und geringe Anzahlen an gefangenen Käfern wiesen dagegen die Standorte NW, NO und Dorf auf.

Tabelle 7: Anzahl der gefangenen *Calathus erratus*-Individuen an zwei Leerungsterminen und Summe aller gefangenen Käfer an den Untersuchungsstandorten in Schlabendorf.

Fläche	Nord	cP	NW	SW	NO	SO	See	Dorf
Leerungsdatum 06.08.2002	30	11	4	12	1	2	1	1
Leerungsdatum 10.08.2002	12	10	2	10	4	10	27	0
Fangtage	18	24	64	35	34	48	26	26
Summe aller gefangenen Individuen	88	80	20	85	44	73	93	8

Aus der Käferfangdichte und der Gesamtanzahl der gefangenen *Calathus erratus*-Individuen an den Standorten Nord, See und cP kann auf hohe Abundanzen von *Calathus erratus* an diesen Standorten geschlussfolgert werden.

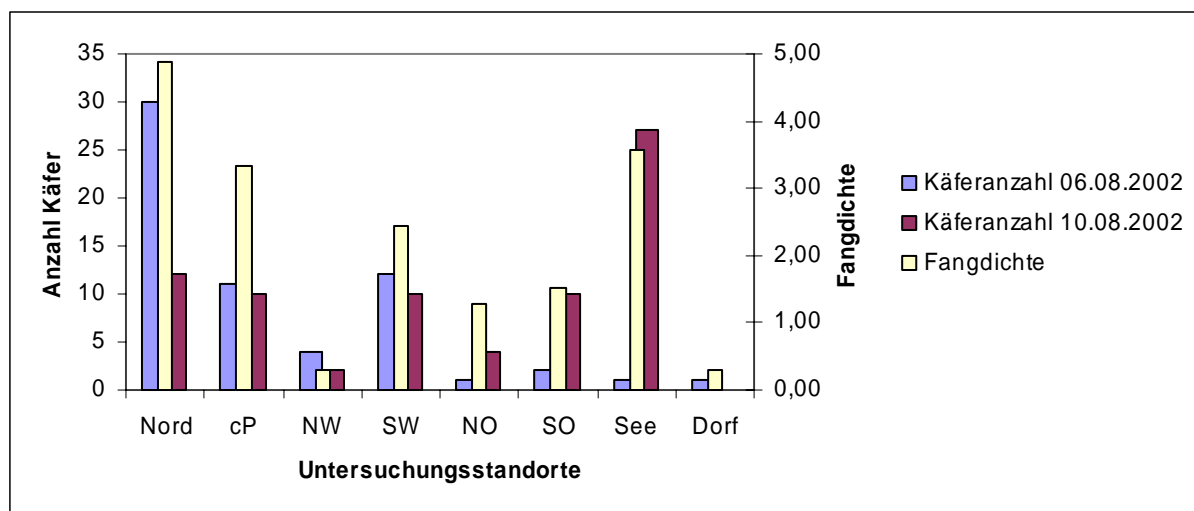


Abbildung 9: Überblick über die Anzahl und Fangdichte gefangener *Calathus erratus*-Individuen an zwei Leerungsterminen an den Untersuchungsstandorten in Schlabendorf.

### 2.3.4.1 Molekulargenetische Analyse

#### 2.3.4.2 DNA-Extraktion

Zur Vermeidung von Kontaminationen des DNA-Materials der zoophagen Käfer erfolgte die DNA-Extraktion nur aus Köpfen und Beinen der Tiere. Hierzu wurden die in flüssigem Stickstoff gelagerten Käfer einzeln in ein Mösergefäß gegeben. Dort wurden mit einem Skalpell der Kopf und alle Beine vom Körper abgetrennt. Das gewonnene Gewebe wurde mit einem Mikropistill in einem Röhrchen homogenisiert und die DNA mittels eines DNeasy Kits (Qia-gen, Hilden) unter Benutzung eines modifizierten Protokolls des Herstellers (vgl. Protokoll 1 im Anhang) für Insekten extrahiert. Der letzte Extraktionsschritt erfolgte mit 50 µl H<sub>2</sub>O. Der Erfolg der DNA-Extraktion wurde mittels einer Agarose-Gelelektrophorese (1,6% Agarose)

und nachfolgender 10 min Ethidiumbromid-Färbung (2 mg Ethidiumbromid/ 1 l H<sub>2</sub>O) unter UV-Licht überprüft.

### 2.3.4.3 Molekulare Marker - Fragmentlängenpolymorphismen (AFLP)

Als molekulare Marker wurden AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism, Vos et al. 1995) eingesetzt, ein dominantes Markersystem, das sich aufgrund seiner hohen Polymorphieraten gut für die Analyse der genetischen Diversität von Käfern und anderer Organismengruppen eignet. Die genutzte Methode hat den Vorteil, dass sie schnell und kostengünstig im Labor etabliert und eine hohe Anzahl polymorpher Banden mit hoher Reproduzierbarkeit erzeugt werden kann (Lynch & Milligan 1994, Lowe et al. 2004, Bensch & Akesson 2005).

Aktuelle Analysen zur Populationsstruktur erfolgten z.B. an den Schmetterlingen *Pieris rapae* und *P. melete* (Takami et al. 2004) oder an den Pflanzenarten *Silene tatarica* (Tero et al. 2003) und *Primula elatior* (Jacquemyn et al. 2004).

Als Ausgangsmaterial der AFLP-Analyse dient die gesamte genomische DNA, die mit Restriktionsenzymen gespalten und elektrophoretisch aufgetrennt wird. Hierbei sind keine Informationen über die Sequenzen oder chromosomale Lage der ausgewerteten Banden notwendig. AFLP-Marker können zur Abschätzung von Häufigkeiten von Genotypen eingesetzt werden, aber nicht zur Abschätzung von Allel-Häufigkeiten. Im Ergebnis entsteht eine 0-1-Matrix, wobei 0 für eine nicht vorhandene Bande und 1 für eine vorhandene Bande steht. Die Herstellung von Fragmenten zur Untersuchung der Fragmentlängenpolymorphismen (AFLPs) gliedert sich in vier Schritte (siehe Abbildung 10):

**Restriktion:** Zuerst erfolgt ein Spalten der hochmolekularen DNA in Fragmente verschiedener Größe durch enzymatische Restriktion an vorgegebenen Schnittstellen unter Nutzung der Restriktionsenzyme Eco RI (vier Basen) und Mse I (sechs Basen).

**Ligation:** Die darauf folgende Ligation wird mit einer T4-Ligase und Eco RI-, bzw. Mse I-Adaptoren (Oligonucleotid-Adapter) ausgeführt (siehe Tabelle 8). Die Adapter bestehen aus einer Kernsequenz mit einer bekannten DNA-Sequenz von 20 Nukleotiden, sowie einer enzymespezifischen Sequenz.

**Preselektive Amplifikation:** Als dritter Schritt erfolgt die preselektive PCR-Reaktion (Polymerasekettenreaktion) mit Eco RI- und Mse I-preselektiven Primern und einer Taq-Polymerase. Zusätzlich zur Adaptersequenz weist der preselektive Primer eine weitere Base auf. Der Einsatz von preselektiven Primern in einer PCR-Reaktion erlaubt eine erste Selektion von DNA-Fragmenten. Es erfolgt eine selektive Vervielfältigung von DNA-Fragmenten durch wiederholte Zyklen von DNA-Denaturierung, Primer-Bindung und Polymerisierung (PCR).

**Selektive Amplifikation:** Dieser Schritt wird durchgeführt, um die Anzahl der entstehenden DNA-Fragmente einzuschränken und die Fragmente an einem Ende mit einem fluoreszierendem Farbstoff zu versehen, der eine bessere Visualisierung während der folgenden Elektropho-

rese erlaubt. Die selektiven Amplifikationsprimer weisen zur Adaptersequenz drei zusätzliche Nucleotide auf.

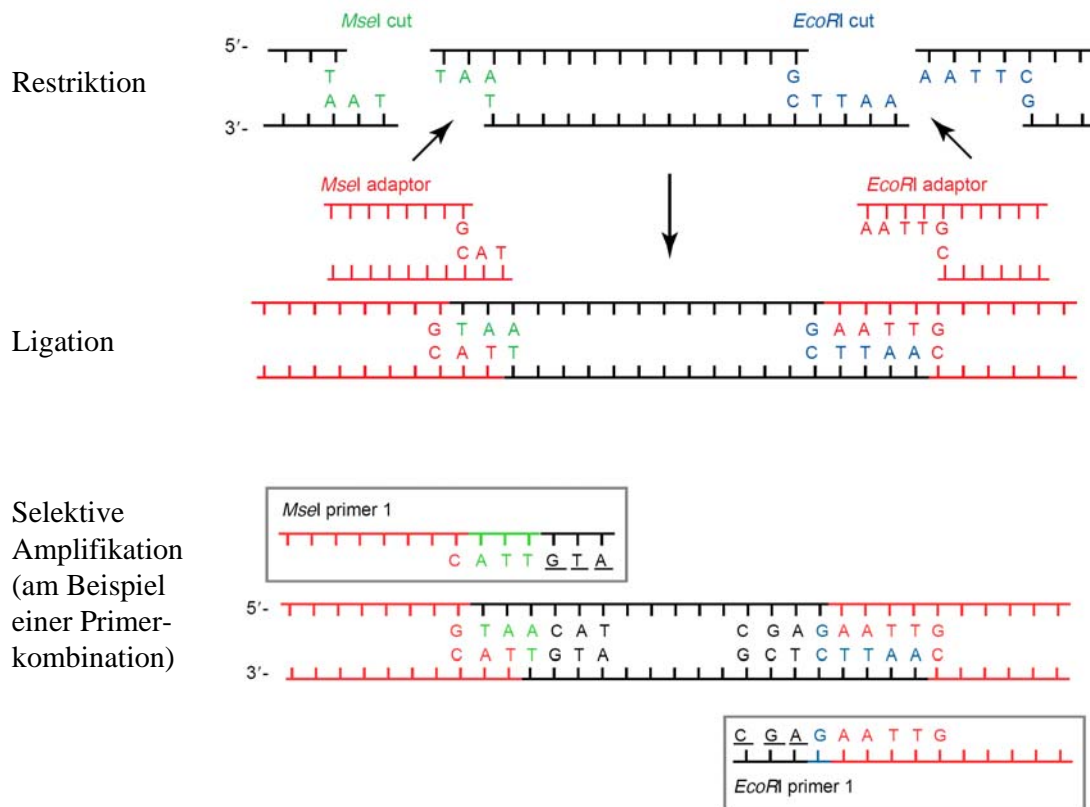


Abbildung 10: Schematische Darstellung zur Herstellung von DNA-Fragmenten zur Detektion der Fragmentlängenpolymorphismen, geändert nach Mueller & Wolfenbarger (1999).

### 2.3.4.4 Elektrophorese

Im Anschluss an die selektive Amplifikation wird das AFLP-Produkt analysiert, indem die PCR-Produkte der selektiven Amplifikation denaturiert werden (Aufspaltung des Doppelstranges). Die Fragmentanalyse erfolgt danach mittels eines Acrylamid-Gel in einem DNA-Sequenzierer. In der vorliegenden Studie kam ein ABI Prism 310 (Applied Biosystems) mit Windows NT System zum Einsatz, welcher mit dünnen, mit Acrylamid gefüllten Kapillaren arbeitet. Fluoreszenzsignale werden durch die Verwendung des „Filtersets A“ (Applied Biosystems) im Wellenlängen-Bereich von 535-615 nm detektiert. Die Fragmente werden anhand ihrer Fragmentlänge detektiert. DNA-Fragmentlängen können mit der verwendeten Kapillarelektrophorese nur bis zu einem Unterschied von einem Basenpaar unterschieden werden. Die mit fluoreszierenden Enden versehenen Enden der Fragmente senden beim Durchqueren des Lasers ein Fluoreszenzsignal aus, das vom Computer gesammelt wird. Diese Fluoreszenzen werden durch den Computer als „Peaks“ dargestellt. Die Höhe der „Peaks“ korrespondiert mit der Anzahl der Fragmente mit der gleichen Basenpaarlänge. Jeder gemessene „Peak“ ent-

spricht einer Bande in einem Acrylamid-Gel (Solé et al. 2004). Die Basenpaarlänge der detektierten Fragmente in der vorliegenden Untersuchung reichte von 35 bis zu 400 Basenpaaren.

### 2.3.4.5 Durchführung

Die AFLPs wurden wie bei Solé et al. (2004) beschrieben erzeugt. Zuerst wurde in einem Gesamtvolumen von 11 µl, 5,5 µl DNA-Lösung mit 5 U Eco RI und 0.5 U Mse I reduziert und mit entsprechenden Adaptoren verbunden (Eco RI-, Mse I-Adaptoren, MWG Biotech, Ebersberg, Deutschland, Tabelle 8), wobei 67 U T4-DNA Ligase (New England Biolabs, Frankfurt/M., Deutschland) unter Verwendung von 1,10 µl 10 x T4-Ligase Puffer, 0,55 mg/ml BSA, und 1,10 µl NaCl (0.5M) zum Einsatz kamen. Die Reaktion erfolgte bei Raumtemperatur über Nacht.

Im zweiten Schritt wurden, nach einer 1:5 Verdünnung, 4 µl der Restriktions-Ligations-Verdünnung für die nachfolgende preselektive Amplifikation in einem Gesamtvolumen von 20 µl mit 0,8 U Taq-Polymerase (MBI Fermentas, St. Leon-Rot, Deutschland), 2 µl 10 x PCR Puffer mit (NH<sub>4</sub>)<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>, 1,5 ng/µl Eco RI- und Mse I-preselektiven Primern (Tabelle 8), 200 µM dNTPs, und 1,2 mM MgCl<sub>2</sub> verwendet.

Die PCR Reaktion wurde mit einem Primus 96 Thermocycler (MWG Biotech, Ebersberg, Deutschland) mit folgendem Programm durchgeführt: 72 °C, 2 min gefolgt von 20 Zyklen mit 94 °C, 20 sec; 56 °C, 30 sec; 72 °C, 2 min und 60 °C für 30 min.

Im dritten Schritt wurden, nach einer 1:10 Verdünnung, 4 µl der verdünnten Amplifikations-Reaktion für die selektive Amplifikation (Tabelle 8) mit 0,25 ng/µl Eco RI mit Fluoreszenzmarkern markierten selektiven Primer und 1,5 ng/µl Mse I-selektiven Primer verwendet. Es kam ein touch-down-PCR-Protokoll mit folgendem Programm zum Einsatz: 94 °C, 2 min, gefolgt von 10 Zyklen mit 94 °C, 20 sec; 66 °C, 1 min mit Temperaturabfall von 1 °C je Zyklus; 72 °C, 2 min. Abschließend folgten 20 Zyklen mit 94 °C, 20 sec; 56 °C, 30 sec; 72 °C, 2 min und abschließenden 60 °C für 30 min.

Nach einer Vorauswahl von 16 Primerkombinationen, ergaben zwei verschiedene Primerkombinationen reproduzierbare Fragmente: Eco RI-ACT Mse I- CAC (mit Farbstoff FAM gelabelt) und Eco RI-ACG Mse I- CAC (mit Farbstoff JOE gelabelt). Diese wurden ausgewählt und für die selektive Amplifikation (Sequenzen siehe Tabelle 8) genutzt. Um Fehler zu minimieren wurden die Restriktionen, Ligationen und die PCR-Reaktionen aller untersuchten Käfer aus dem Jahre 2002 jeweils zusammen auf einer PCR-Platte ausgeführt. Folgende weiteren Primerkombinationen erwiesen sich ebenfalls als für die Untersuchungen geeignet: Eco RI- ACG Mse I- CAT, Eco RI- ACT Mse I- CAT, Eco RI- AGC Mse I- CAT und Eco RI- AGC Mse I- CAC (Basensequenzen in Tabelle 8). Allerdings war es nicht möglich für alle untersuchten Käfer auswertbare Resultate für alle Primerkombinationen zu erzielen, so dass sich die Auswertung auf die am besten geeigneten Kombinationen Eco RI- ACT Mse I- CAC und Eco RI- ACG Mse I- CAC beschränkte. Pro Untersuchungsstandort wurden 6-8 Käfer (insgesamt 90 Individuen) genetisch analysiert. Ein Rangkorrelationsstest erbrachte keine

signifikante Korrelation zwischen der Anzahl der untersuchten Individuen pro Untersuchungsstandort und der gefundenen genetischen Diversität (Spearman-Rho = 0,393,  $p = 0,09$ ).

*Tabelle 8: Übersicht über die bei den AFLP-Analysen von *Calathus erratus* verwendeten, bzw. geeigneten Ligationsadapter, die Preamplifikationsprimer und die selektiven Amplifikationsprimer mit den dazugehörigen Basensequenzen.*

Verwendete Adapter und Primer	Basensequenz
<b>Ligationsadapter</b>	
<b>Eco RI- adapter: Anfang</b>	5' CTCGTAGACTGCGTACC 3'
<b>Ende</b>	3' CATCTGACGCATGGTTAA 5'
<b>Mse I- adapter: Anfang</b>	5' GACGATGAGTCCTGAG 3'
<b>Ende</b>	3' TACTCAGGACTCAT 5'
<b>Preselektive Amplifikation: Preamplifikationsprimer</b>	
<b>Eco RI- PA-primer: E01</b>	5' GACTGCGTACCAATTCA 3'
<b>Mse I- PA-primer: M01</b>	5' GATGAGTCCTGAGTAAC 3'
<b>Selektive Amplifikation: Selektive Amplifikationsprimer</b>	
<b>Eco RI – ACT FAM</b>	5' FAM GACTGCGTACCAATTCAC 3'
<b>Eco RI – ACG JOE</b>	5' JOE GACTGCGTACCAATTCACG 3'
<b>Mse I – CAC</b>	5' GATGAGTCCTGAGTAACAC 3'
<b>Ebenfalls geeignete selektive Amplifikationsprimer</b>	
<b>Eco RI – ACT FAM</b>	5' FAM GACTGCGTACCAATTCAC 3'
<b>Eco RI – AGC NED/TAMRA</b>	5' TAMRA GACTGCGTACCAATTCAGC 3'
<b>Eco RI – ACG JOE</b>	5' JOE GACTGCGTACCAATTCACG 3'
<b>Mse I – CAC</b>	5' GATGAGTCCTGAGTAACAC 3'
<b>Mse I – CAT</b>	5' GATGAGTCCTGAGTAACAT 3'

### 2.3.5 Datenanalyse

Für die Fragmentanalyse wurde ein ABI Prism 310 (Applied Biosystems) mit Genescan 500 ROX als interner Längenstandard eingesetzt. Nach der Fragmentanalyse wurden nur die „Peaks“ mit einer minimalen Peakhöhe von 80 Einheiten für die Datenauswertung genutzt. Die Fragmente wurden gezählt und unter Nutzung des Programms Genographer in eine 0- und-1-Matrix überführt, wobei 1 für „Bande vorhanden“ und 0 für „Bande nicht vorhanden“ stand (siehe Abbildung 11).



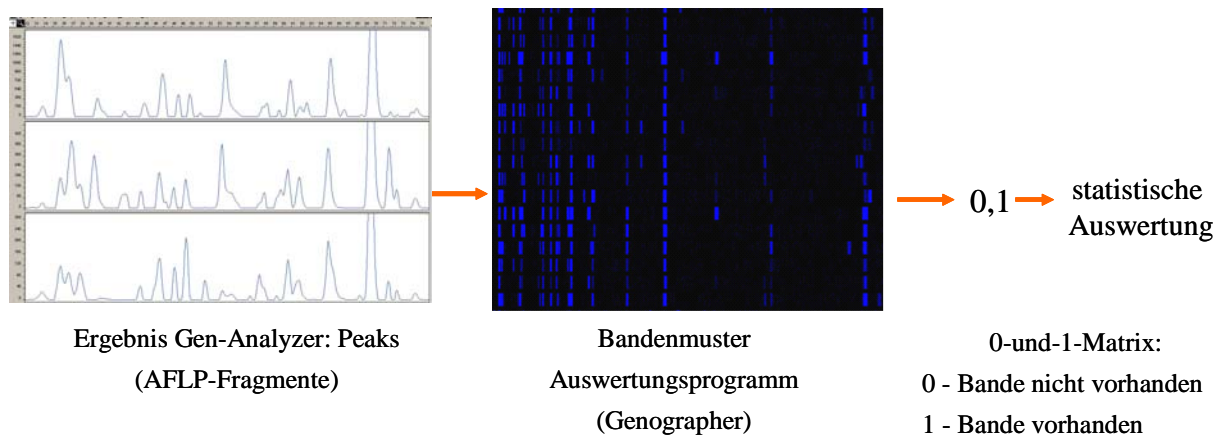


Abbildung 11: Schematische Übersicht der Auswertungsschritte von AFLP-Daten (am Beispiel der Primerkombination *Eco RI- ACT Fam Mse I- CAC*).

Mit den beiden eingesetzten Primerkombinationen (ACT- CAC und ACG- CAC) wurden insgesamt 167 Fragmente detektiert, von denen sich 82 bei den untersuchten 90 *Calathus erratus*-Individuen der 13 Untersuchungsstandorte als polymorph erwiesen (siehe Tabelle 9). Für die 37 Individuen aus den Jahren 2001 und 2003, wurden 57 polymorphe Banden zwischen 49 und 352 Basenpaaren ermittelt (hier nicht dargestellt).

Die genetische Diversität in den Populationen wurde mittels des Parameters erwartete Heterozygotie beschrieben. Dabei entspricht der Wert der erwarteten Heterozygotie der Gen-Diversität ( $H_e$  = Gen-Diversität). Zur Quantifizierung der genetischen Variabilität zwischen den Populationen (genetische Distanz) wurde der Fixations-Index  $F_{st}$  (Wright 1978, Weir & Cockerham 1984) genutzt. Die Analyse der räumlichen Struktur der Populationen erfolgte anhand einer hierarchischen Analyse der molekularen Varianz (AMOVA) (Excoffier et al. 1992). Als Analyseprogramme kamen Arlequin ver. 2.0 (Schneider et al. 2000) und SPSS 12.0 für Windows zum Einsatz. Die Rangkorrelationstests (Einfluss Individuenanzahl auf die Gen-Diversität) und die Mann-Whitney-U-Tests (Einfluss des Habiattyps der Untersuchungsstandorte auf die Anzahl der polymorphen Banden und die Gen-Diversität der Käferpopulationen) wurden mit SPSS 12.0 für Windows ausgeführt. Eine Analyse von Korrelationen zwischen genetischer Distanz der Käferpopulationen und der geographischen Entfernung der Untersuchungsstandorte erfolgte mit einem Mantel-Test (Mantel 1967) mit Arlequin ver. 3.01. Die räumliche genetische Struktur wurde weiterhin mit Korrelogrammen des „Moran's I für Allelfrequenzen“ (Moran 1950, Hardy 2003) über verschiedenen Distanz-Klassen analysiert, wobei die Korrelation in den Genfrequenzen zwischen Genotypen innerhalb einer Distanzklasse gemessen wurde. Die Signifikanz der Korrelogramme wurde mittels einer progressiven Bonferroni-Korrektur getestet. Eine räumliche Autokorrelations-Analyse wurde mit dem Programm SPAGeDi v. 1.1 (Hardy & Vekemanns 2002) durchgeführt.

Tabelle 9: Anzahl und Basenpaarlänge (Bp) der detektierten Banden und der polymorphen Banden für die Primerkombinationen Eco RI- ACT Mse I- CAC und Eco RI- ACG Mse I- CAC.

Basenpaarlänge	Anzahl der Banden	Anzahl der polymorphen Banden
<b>Eco RI- ACT Mse I- CAC</b>		
<b>35-100 Bp</b>	20	8
<b>100-200 Bp</b>	38	22
<b>200-300 Bp</b>	16	11
<b>300-400 Bp</b>	10	5
<b>Eco RI- ACG Mse I- CAC</b>		
<b>35-100 Bp</b>	38	13
<b>100-200 Bp</b>	27	11
<b>200-300 Bp</b>	15	10
<b>300-400 Bp</b>	3	2

## 2.4 Modellorganismus *Labidura riparia*

Die Ordnung der Ohrwürmer (Dermaptera) ist eine überwiegend tropisch verbreitete Insekten-Gruppe, einige Familien sind aber auch in der Palaearktis verbreitet (Günther & Herter 1974). Weltweit sind etwa 2000 Ohrwurm-Arten beschrieben (Günther 2000, Haas 2003). In Europa werden 83 Arten (Fauna Europaea) und in Deutschland derzeit acht Arten (Matzke 2001, Wallaschek 2004) rezent nachgewiesen.

Die untersuchte Art, der Sandohrwurm *Labidura riparia* (Pallas 1773) gehört zu den charakteristischen Arten offener Sandflächen der Niederlausitz (Abbildung 12a, b).

a)



b)



Abbildung 12: Der Sandohrwurm *Labidura riparia*: a) ♀, b) ♂, (Fotos: Michael Dieke).

Nachweise der Art in der Lausitzer Bergbaufolgelandschaft gibt es etwa seit Mitte des letzten Jahrhunderts (Oberlausitz: Jordan 1957, Niederlausitz: Donath 1988). Die Art ist in Deutsch-

land selten (Rote Liste 2, Binot et al. 1998) und auf wenige stark isolierte sandige Gebiete beschränkt. Sandohrwürmer kommen in Deutschland in natürlichen Habitaten nur im Bereich von Küstendünen und in der Nähe von Ufern bzw. Gewässern vor (Beier 1953, 1959, Albouy & Caussanel 1990, Matzke 2001). Weitere Vorkommen sind von Sekundärhabitaten mit gestörten Offenbereichen und hohem Grundwasserspiegel, wie Tagebauen, Truppenübungsplätzen, Sand- und Kiesgruben (Matzke 1995, 1999a, 1999b) aus allen ostdeutschen Bundesländern bekannt. Informationen über die Verbreitung von *Labidura riparia* liegen für die Bundesländer Sachsen (Matzke 1995, 2001), Sachsen-Anhalt (Wallaschek et al. 2004), Thüringen (Köhler & Renker 2001) und Mecklenburg-Vorpommern (Müller-Motzfeld et al. 1990) vor. Für Brandenburg gibt es noch keine Verbreitungskarte. Das Sandohrwurm-vorkommen in Bremen (Handke 1989) gilt nach der Zerstörung des Lebensraumes als erloschen (Handke persönliche Mitteilung).

Die Art ist fast weltweit verbreitet (Albouy & Caussanel 1990, Steinmann 1993). Als pleistozäne Refugialräume des Sandohrwurmes werden seit langem Südwest- und Osteuropa postuliert (Weidner 1941). Es wird angenommen, dass die postglaziale Rückwanderung in den nord- und mitteldeutschen Raum entlang der Urstromtäler erfolgte (Harz 1957, Müller-Motzfeld et al. 1990, Adis & Junk 2002).

Für die Ausbreitung der Art, besonders für die Besiedlung der Sekundärlebensräume, spielt nach Wallaschek (1999) möglicherweise „Verschleppung“ durch den Menschen (Anthropochorie) eine Rolle.

Bei Sandohrwürmern tritt ein Flügeldimorphismus auf (Matzke 1997). Flugfähige Morphen werden nur selten beobachtet. Die Besiedlung neu entstehender Lebensräume scheint dennoch relativ schnell, möglicherweise durch Flug stattzufinden (Kleinow 1966, Gross & Spink 1971, Kleinow 1971, Matzke 1995, Matzke & Klaus 1996). Die ökologischen Eigenschaften des Sandohrwurms sind recht gut untersucht. Die omniphagen Tiere sind nachtaktiv und betreiben Brutpflege. Ihre Ruhezeiten am Tag verbringen sie versteckt in selbst gegrabenen Gängen, die im Winter bis zu 2 m Tiefe erreichen können (Klatt 2003). Bei physiologischen Untersuchungen dient diese Art oft als Modellorganismus (Vancassel et al. 1984, Sayah et al. 1998).

### 2.4.1 Untersuchungsgebiet

Zwischen 2004 und 2006 wurden 21 Standorte beprobt, davon 16 Sekundärhabitats und 5 Primärhabitats (siehe Tabelle 10, Abbildung 13 und Abbildung 15). Als Hauptuntersuchungsgebiet wurde die ehemalige Tagebauregion Schlabendorf-Süd (Alter des Standortes: 17 Jahre nach Verkipfung, Abbildung 14) ausgewählt. Hier wurden ausgehend von einem zentralen Untersuchungsstandort (cP) in alle vier Himmelsrichtungen in Entfernung von etwa 1 km weitere Probenahmestandorte eingerichtet (SO, SW, SN, SS).

Des Weiteren erfolgte die Beprobung folgender Bergbaufolgelandschaften unterschiedlichen Alters (Zeit seit Verkipfung): Schlabendorf Nord (30 Jahre), Plessa (59 Jahre), Cottbus Nord

(2 Jahre), Leipzig (ca. 30 Jahre). Weitere Standorte mit stark gestörtem aber unverritztem Boden waren ehemalige Truppenübungsplätze (Lieberose, Döberitz) und eine Kali-Halde (Sondershausen). Als potenzielle natürliche Ursprungspopulationen wurden natürliche Habitate im Bereich der Ostseeküste (Altwarp), auf Hiddensee und einer Binnendüne in der Nähe von Dömitz/Elbe beprobt. Abbildungen der Standorte sind Abbildung 15 zu entnehmen.

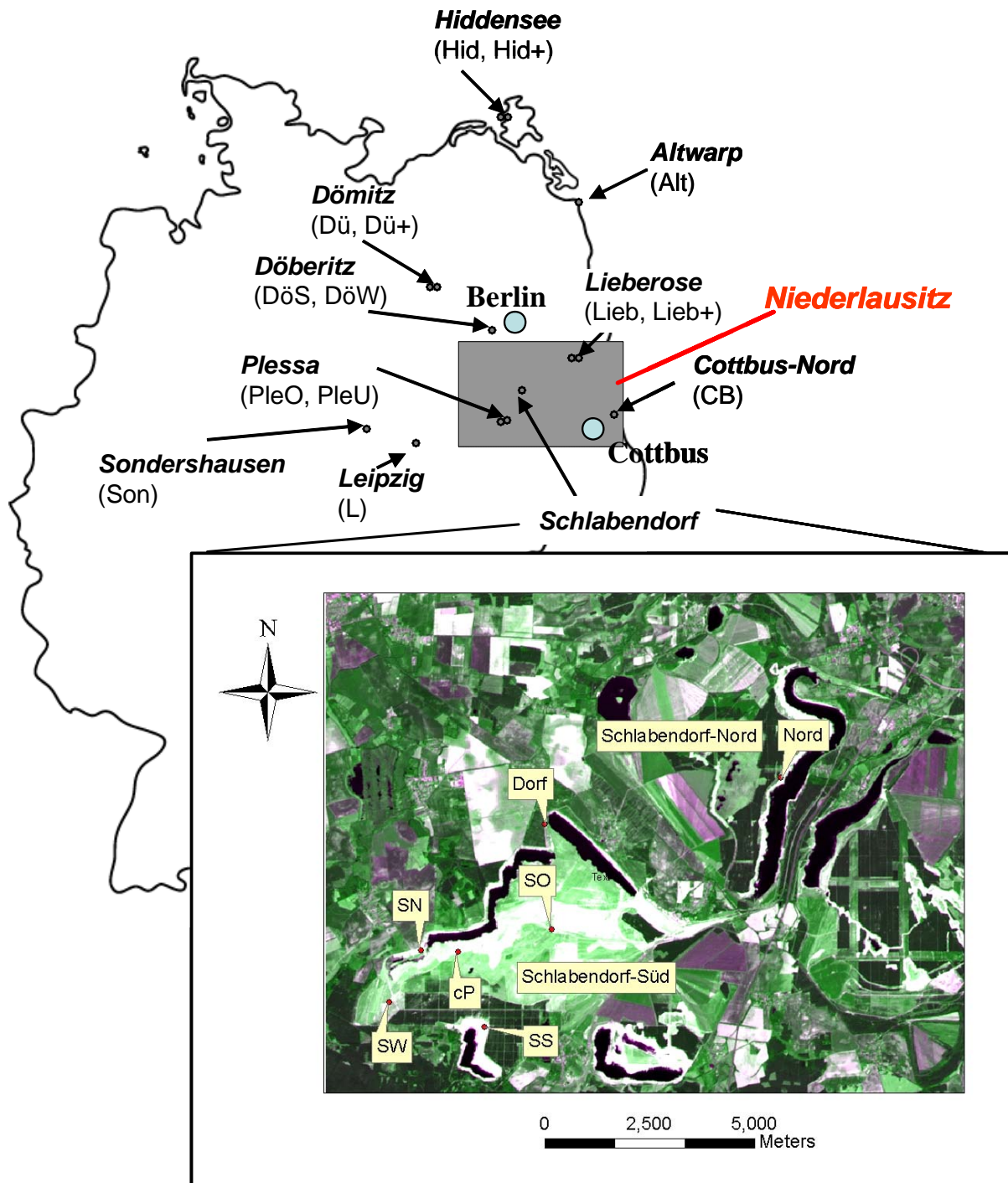


Abbildung 13: Geographische Lage der 21 beprobten Untersuchungsstandorte der *Labidura riparia*-Studie mit dem Hauptuntersuchungsgebiet Schlabendorf (GIS-Graphik: Effah Kwabena Antwi).

Die Standortbezeichnungen der Probenahmestandorte in Schlabendorf-Süd bei dieser Studie sind bedingt durch eine ähnliche geographische Ausrichtung der Standorte in der Landschaft mit den Standortbezeichnungen der Studie an *Calathus erratus* identisch. Sie befinden sich aber, wie aus den geographischen Koordinaten hervorgeht, teilweise einige Kilometer entfernt von diesen Standorten (vgl. Tabelle 3 und Tabelle 10).

*Tabelle 10: Liste der Untersuchungsstandorte der Untersuchung an Labidura riparia mit Klassifizierung der Untersuchungsgebiete, Entfernung zum zentralen Punkt = cP (in km), Alter (Zeit seit Verkipfung) und Angabe der geographischen Lage (geographische Koordinaten). Vergleiche die geographischen Koordinaten der gleichnamigen Untersuchungsstandorte der Untersuchung an Calathus erratus.*

Untersuchungsgebiet	Standort	Alter (2005)	Geographische Koordinaten (N, O)	
Bergbaufolgelandschaften				
Schlabendorf-Süd	cP	17	51°46′56.7	13°46′13.0
	SN	17	51°46′59.1	13°45′21.1
	SO	17	51°47′14.5	13°48′05.5
	SS	17	51°45′57.6	13°46′42.4
	SW	17	51°46′17.9	13°44′44.3
	Dorf	17	51°48′37.5	13°47′54.5
Schlabendorf Nord	Nord	30	51°49′14.4	13°52′45.7
Plessa	PleO	59	51°29′35.7	13°37′45.5
	PleU	59	51°29′30.9	13°37′47.0
Cottbus Nord	CB	2	51°46′58.2	14°25′00.3
Leipzig/Profen Süd	L	Ca. 30	51°10′50.3	12°11′00.8
Ehemalige Truppenübungsplätze				
Lieberose	Lieb	Gestört	51°56′04.3	14°23′24.5
	Lieb+	Gestört	51°55′28.9	14°23′20.8
Döberitz	DöS	Gestört	52°31′53.0	13°01′11.0
	DöW	Gestört	52°29′59.0	13°02′04.0
Sonderstandort				
Kalihalde Sondershausen	Son	Halde	51°24′04.6	10°49′06.6
Küstenbereiche				
Hiddensee	Hid	Natürlich	54°34′43.0	13°09′25.1
	Hid+	Natürlich	54°34′32.2	13°09′26.7
Altwarp	Alt	Natürlich	53°44′16.6	14°13′28.5
Binnendüne				
Klein Schmölen/Dömitz	Dü	Natürlich	53°07′25.7	11°18′11.2
	Dü+	Natürlich	53°07′29.8	11°17′45.9



Abbildung 14: Offener Bereich in der Bergbaufolgelandschaft Schlabendorf-Süd, bevorzugter Lebensraum des Sandohrwurmes *Labidura riparia*.

Für Vergleichszwecke wurden weiterhin Tiere aus Frankreich (Fr), Gran Canaria (GranCan), Japan (Jap, Jap+) und dem Sudan (Sudan) in die Untersuchungen einbezogen. Die geographischen Koordinaten dieser Standorte sind Tabelle 11 zu entnehmen. Die Tiere wurden von Dr. V. Albouy (Frankreich), D. Matzke (Gran Canaria), Dr. M. Nishikawa (Japan) und Dr. F. Haas (Sudan) zur Verfügung gestellt.

Tabelle 11: Liste der ausländischen Untersuchungsstandorte der Untersuchung an *Labidura riparia* mit geographischen Koordinaten (soweit bekannt).

Untersuchungsstandort	Flächenbezeichnung	Anzahl Individuen	Geographische Koordinaten	
Frankreich	Fr	26	N 45°44'15.3	W 01°14'22.1
Sudan	Sud	10	Nicht bekannt	Nicht bekannt
Gran Canaria	GranCan	5	N 27°44'08.7	W 15°35'52.9
Japan	Jap	28	N 34°11'42.3	O 134°37'32.4
Japan	Jap+	27	5 m von Jap entfernt	



## **Bergbaufolgelandschaften**

### **Schlabendorf-Süd**

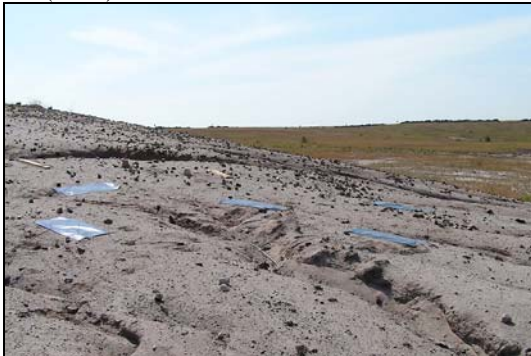
zentraler Punkt (cP) (2004)



SN (2004)



SO (2004)



SS (2004)



SW (2004)



Dorf (2004)



### **Schlabendorf-Nord**

Nord (2005)



### **Cottbus-Nord**

CB (2004)



## **Plessa**

PleO (2004)



PleU (2004)



## **Leipzig-Profen Süd**

L (2004)



## **Truppenübungsplätze**

### **Lieberose**

Lieb (2005)



Lieb+ (2005)



### **Döberitz**

DöS , DöW (2006)





**Küste****Hiddensee**

Hid (2005)



Hid+ (2005)

**Altwarp**

Alt



Foto: Joachim Neumeister

**Binnendüne****Dömitz**

Dü (2006)



Dü+ (2006)

**Sonderstandort****Kalihalde Sondershausen**

Son



Abbildung 15: Fotografische Übersicht der Untersuchungsstandorte der Studie am Sandohrwurm *Labidura riparia* mit Angabe des Aufnahmejahres.

Neben den populationsgenetischen Untersuchungen wurden faunistische Untersuchungen an *Labidura riparia* durchgeführt. Um Informationen über den saisonalen Verlauf der Aktivität der Sandohrwürmer in der Bergbaufolgelandschaft der Niederlausitz zu erhalten, wurden Bodenfallenfänge über einem Fangzeitraum von 17 Monaten aus den Untersuchungsgebieten Schlabendorf-Süd und Schlabendorf-Nord (SUBICON I-Projekt 2001-2004) hinsichtlich der Sandohrwurmfänge untersucht. Dabei wurden Individuenanzahlen, die Verteilung von männlichen, weiblichen und juvenilen Individuen, sowie die Flügellängen der adulten Tiere dokumentiert. Im Rahmen eines Freilandexperimentes wurden im Sommer 2005 auf zwei Flächen in der Bergbaufolgelandschaft Schlabendorf Süd (cP und SS) insgesamt drei Luftklebnetze und zwei Malaisefallen aufgebaut und über einen Zeitraum von vier Wochen mit einem Leerungsintervall von einer Woche eingesetzt. Mit der Verwendung von Flugfallen sollte der Nachweis fliegender Sandohrwürmer erfolgen.

### 2.4.2 Erfassungsmethode und Probenahme

Da sich für genetische Untersuchungen die Verwendung lebend gefangener und in Stickstoff aufbewahrter Tiere als optimal erwies, wurde ein Lebendfangdesign für Sandohrwürmer an den Untersuchungsstandorten entwickelt. Dazu wurden verschiedene Fangmaterialien im Rahmen einer Vorstudie im Sommer 2004 am Hauptuntersuchungsstandort Schlabendorf-Süd getestet. Es wurden Bretter, Blumentöpfe und größere Steine ausgelegt. Weiterhin wurden dunkle Folien mit Noppen und schwarze Plastikplanen mit einer Größe von ca. 40 cm x 70 cm flach auf dem Boden ausgelegt und im Untergrund verankert (siehe Abbildung 16). Nach einer Woche wurden die sich unter den Fanggegenständen befindlichen Ohrwürmer eingesammelt und der Fangerfolg der einzelnen Fangmaterialien ermittelt. Alle vorgestellten Fangvarianten erbrachten nur geringen Erfolg. Je Woche konnten auf diese Weise insgesamt maximal 2-3 Tiere pro Untersuchungsstandort mit allen Fangvarianten gefangen werden.



Abbildung 16: Materialientest zum Fang von Sandohrwürmern am Untersuchungsstandort Schlabendorf-Süd (SO).

Durch den geringen Fangerfolg waren alle getesteten Methoden nicht für den Fang der für die genetischen Untersuchungen benötigten 20-30 Sandohrwurm-Individuen je Standort geeignet. Nach Hinweisen von Dr. Masaru Nishikawa (Tokushima, Japan, persönliche Mitteilung) konnte ein Lebendfallensystem mit Trockenfutter für Tiere als Attraktanz zur Anlockung der Ohrwürmer etabliert werden. Hierzu wurden Plastikboxen (z.B. Blumenkästen, Abbildung 17a) auf den Untersuchungsflächen in den Boden eingegraben und mit Trockenfutter für Tiere versehen (Abbildung 17b).

a)



b)



Abbildung 17: Lebendfallen mit Tiertrockenfutter als Anlockungsmittel für den Fang von Sandohrwürmern im Geländeeinsatz, a) benötigte Arbeitsmaterialien, b) einsatzfähige Falle.

Über Nacht wurden die zoophagen, nachtaktiven Sandohrwürmer durch das in den Fallen befindliche Futter in die Plastik-Boxen gelockt und konnten am nächsten Morgen aus den Fallen entnommen werden (Abbildung 18). Zwischen Aufstellung und Leerung der Lebendfallen sollte nicht länger als ein Tag vergehen, da besonders die männlichen Sandohrwurm-Individuen auf Nahrungsentzug aggressiv reagieren und Kannibalismus unter den gefangenen Tieren beobachtet werden konnte.





Abbildung 18: Fangergebnis einer Lebendfalle mit einer großen Anzahl von Sandohrwürmern nach einer Nacht.

## 2.4.3 Molekulargenetische Analyse

### 2.4.3.1 DNA-Extraktion

Die in den Lebendfallen gefangenen Sandohrwürmer wurden bis zur DNA-Extraktion in Röhrchen in flüssigem Stickstoff (-196 °C) aufbewahrt. Je Untersuchungsstandort wurden zwischen sieben und 38 Individuen pro Population genetisch untersucht (Standort Sondershausen sieben Individuen, sonst zwischen 18 und 38 Tiere, Mittelwert: 25,7 Tiere mit Standort Sondershausen). Um Verunreinigungen des DNA-Materials der zoophagen Ohrwürmer mit der DNA von Beutetieren zu vermeiden, wurde für die DNA-Extraktion jeweils ein Bein pro *Labidura riparia*-Individuum verwendet. Die in flüssigen Stickstoff gelagerten Sandohrwürmer wurden für die DNA-Extraktion einzeln in ein Mörsergefäß gegeben. Dort wurde ein Bein mit einem Skalpell abgetrennt. Aus dem Ohrwurmbein wurde in einem Röhrchen mit 100µl 5% Chelex-Lösung (Estrop et al. 1996) die Ohrwurm-DNA freigesetzt (vgl. Protokoll 2 im Anhang).

### 2.4.3.2 Molekulare Marker - Mikrosatelliten

Als genetische Marker wurden Mikrosatelliten eingesetzt. Mikrosatelliten sind hoch variable neutrale Marker, welche über das gesamte Genom verteilt sind (Goldstein & Schlötterer 1999). Seit Ende der 1980er Jahre wurden verschiedenen Begriffe angewandt, um Tandem-Wiederholungen kurzer Sequenz-Motive zu beschreiben: z.B. Simple Sequence Repeats- SSR (Tautz 1989) oder Short Tandem Repeats (STR; Edwards et al. 1991). Mittlerweile wird aber überwiegend der Begriff Mikrosatellit zur Beschreibung dieser Art von Sequenzmotiven verwendet (Hancock 1999).

Mittels der Mikrosatelliten-Marker ist es möglich, genetische Variabilität sowie genetische Differenzierung zu erfassen, die indirekte Rückschlüsse auf Genfluss innerhalb und zwischen

den Populationen erlauben. Sie stellen Bereiche der DNA mit Tandem-Wiederholungen kurzer Sequenz-Motive dar, die meist nicht länger als sechs Basenpaare sind. Die Variabilität der Mikrosatelliten wird in natürlichen Populationen z.B. durch neu entstehende Mutationen und genetische Drift beeinflusst. Als neutrale, co-dominante Marker weisen Mikrosatelliten vielfältige Einsatzgebiete auf, wie z.B. bei Verwandtschaftsanalysen und Populationsstudien. Sie werden häufig in populationsgenetischen Studien eingesetzt, z.B. bei der Fliegenart *Bactroce-ra oleae* (Nardi et al. 2005), bei dem Schmetterling *Parnassius smintheus* (Keyghobadi et al. 2005) oder bei der Käferart *Pyrophorus plagiophthalmus* (Valez & Feder 2006).

#### 2.4.4 Mikrosatellitenherstellung

Wenn für die zu untersuchende Arten, wie beim Sandohrwurm der Fall, noch keine Mikrosatelliten vorliegen, müssen diese de novo isoliert werden. Sie sind in den nicht kodierenden Bereichen der DNA lokalisiert. Ein häufig verwendete Isolierungsmethode für Mikrosatelliten basiert auf dem Prinzip der „selektiven Hybridisierung“ (z.B. Karagoyozov et al. 1993, Zane et al. 2002). Hierzu wird die DNA durch Restriktionsenzyme in Fragmente geschnitten. Diese Fragmente werden dann an eine bekannte Sequenz eines Vektors/Adaptors ligiert. Das Fragment wird durch Polymerasekettenreaktionen (PCR) vermehrt. Danach werden die Sequenzen zu einer Repeat enthaltenden Sonde hybridisiert. Die Fragmente, welche ein Repeatmotiv enthalten, werden an eine 5' Biotin-markierte Sonde gebunden und mit magnetischen Köpfen („magnetic beads“) abgedeckt. Nach dem Hybridisierungsschritt und nach verschiedenen Waschschritten wird die DNA eluiert und durch PCR Reaktionen amplifiziert. Die angereicherte DNA wird dann in einen verfügbaren Vektor kloniert. Rekombinante Klone können direkt sequenziert und auf das Vorhandensein von Repeatmotiven analysiert werden (siehe Abbildung 19).

In Zusammenarbeit mit der Firma Ecogenics (Zürich, Schweiz) wurden 10 Mikrosatelliten für *Labidura riparia* entwickelt. Dabei wurde wie bei Gueth & Durka (2006) beschrieben verfahren. Es wurde eine angereicherte Mikrosatelliten-Genomdatenbank erstellt. Die rekombinanten Kolonien wurden sequenziert (Ecogenics GmbH, Zürich, Schweiz). Als nächster Schritt wurden nach Längen selektierte DNA an SAULA/SAULAB-linker (5'-GCGGTACCCGGGAAGCTTGG/5'-GATCCCAAGCTTCCCGGGTACCGC) ligiert (Armour et al. 1994) und mittels Magnetköpfen („magnetic bead“) angereichert. Danach erfolgte eine Selektion mit Biotin- markierten (CA)<sub>13</sub> und (GA)<sub>13</sub> Oligonukleotidrepeats (Gautschi et al. 2000a, 2000b).

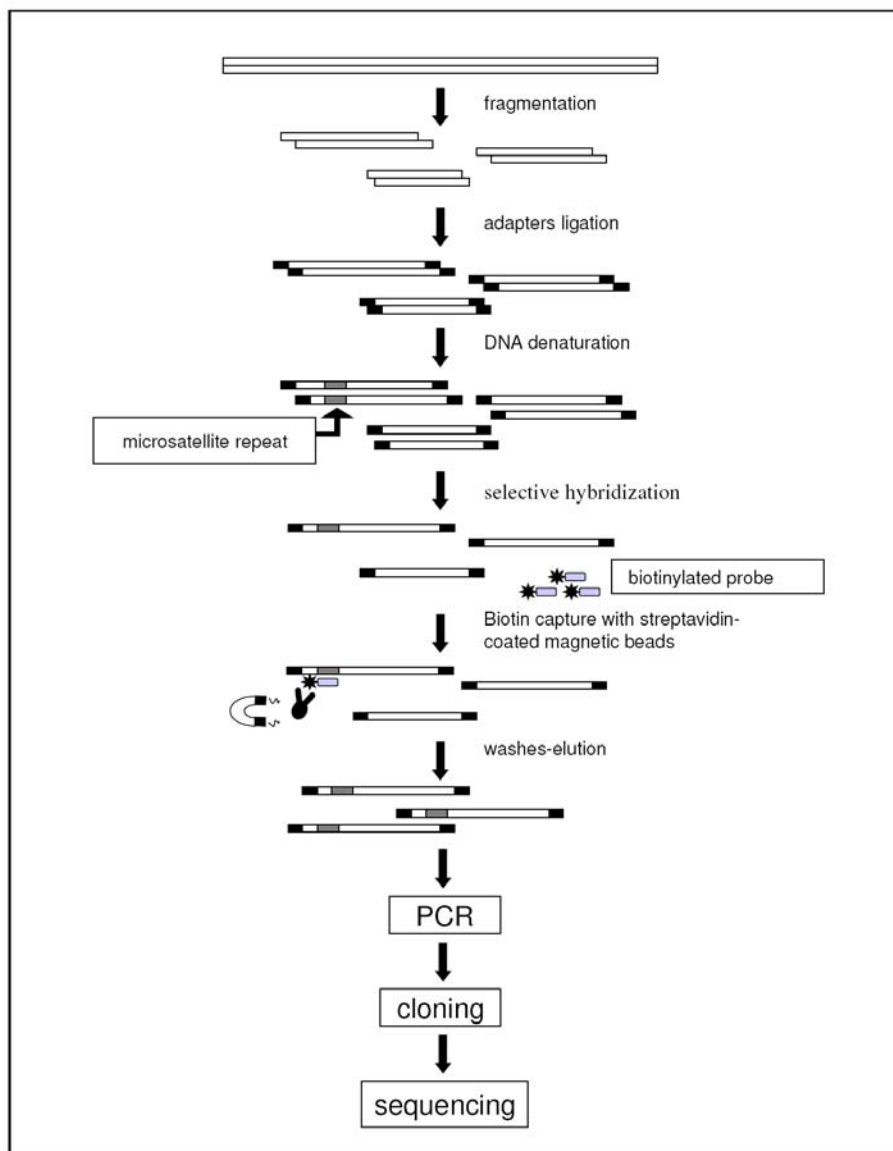


Abbildung 19: Schema eines Hybridisierungsprotokolls zur Mikrosatellitengewinnung, aus Patt (2004), nach Zane et al. (2002).

Von 384 analysierten rekombinanten Kolonien ergaben 106 nach der Hybridisierung ein positives Signal. Plasmiden von 50 positiven Klonen wurden unter Nutzung von M13/pUC Sequenzierungs-Primern sequenziert. Danach wurden für 20 Mikrosatelliten-Inserts unter Nutzung des Programms Primer3 (Rozen & Skaletzky 2000) Primer erstellt und auf Polymorphismen in einer *Labidura riparia* Population getestet. Von den 20 getesteten Primerpaaren ergaben 10 klare polymorphe Bandenstrukturen (Tabelle 12), wobei mit Ausnahme des Locus Lari33, der sehr viele Nullallele aufwies, alle verbleibenden Mikrosatelliten-Loci für die populationsgenetischen Untersuchungen am Sandohrwurm genutzt werden konnten.

Tabelle 12: Charakterisierung von 10 Mikrosatelliten-Loci für 21 deutsche Populationen des Sandohrwurms *Labidura riparia*, aktualisiert gegenüber Gueth & Durka (2006).

Locus	Mikrosatelliten-motiv	Primersequenz (5' – 3')	Größenbereich (Bp)	Anzahl der Allele	Nutzbar	EMBL Datenbank-Nr.
Lari77	CA <sub>15</sub>	F:GCGCACCGAGAATACTAAAGAG R:GTGTGTGTTCAAAGGATTATTTTCAG	100-114	8	Ja	AM 231137
Lari10	CT <sub>18</sub>	F:CCCCCTATAAATCACTAACGATG R:ATTTAAGGGACGACGACGATAC	170-214	16	Ja	AM 231128
Lari18	CT <sub>21</sub>	F:AAGGCTTGCCTACTTGGTCAC R:GGTTCACGAGAAGGGCTTTATG	112-128	9	Ja	AM 231129
Lari51	CA <sub>29</sub>	F:TCTGTCTGTCTGTTTTGAAATGG R:GGTAGGTTTATCGGTCGATTG	169-183	8	Ja	AM 231130
Lari17	CT <sub>21</sub>	F:CGGAATGTATTGCAATGTTTCG R:GCCCCAACCTTAATGAAGAGAATATC	112-144	15	Ja	AM 231131
Lari05	GA <sub>19</sub>	L:GAATGTTCAATTTGTAAGTTGTAATGG R:GCCGTCCTGTTTTTCAGAAG	112-138	12	Ja	AM 231132
Lari14	GA <sub>19</sub>	F:GTATGATTGGTGAGAGCTGCTG R:AGGAGTCTCGCTGGTCTTCTTC	113-145	13	Ja	AM 231133
Lari39b	CT <sub>22</sub>	F:AGCTGCCTCCTTTCTCTATACATTC R:TATTTAAATTAACGCTTAGCGCTTTC	169-185	8	Ja	AM 231134
Lari37b	CT <sub>19</sub>	F:CAACATCGGCAAGGAGGTAG R:AACAAAACAAATGGCGGATG	266-290	13	Ja	AM 231135
Lari33	CT <sub>4</sub> (CC) CT <sub>29</sub>	F:TCAAATGCAAATGAACAAAAGC R:ATAATCTAATGGCCGGAAATATACTG	139-189	11	Nein	AM 231136

#### 2.4.4.1 Durchführung und Elektrophorese

Die Mikrosatelliten DNA Amplifikationsreaktionen wurden unter Nutzung eines Multiplex-Protokolls (Qiagen, Hilden) in einem Volumen von 10 µl ausgeführt, welches folgende Komponenten enthielt: ca. 20 ng DNA, 2 µl Qiagen Multiplex PCR Master Mix, 0,2 µM jedes Primers (1 µl) und 2 µl H<sub>2</sub>O. Die Fragmente wurden mit einem mit einer Fluoreszenzmarkierung versehenen Vorwärtsprimer und einem unmarkierten Rückwärtsprimer versehen. Die PCR-Amplifikationen wurden mit einem Primus 96 Thermocycler (MWG Biotech, Ebersberg, Deutschland) durchgeführt. Es kam folgendes Programm zum Einsatz: Erhitzung auf 95 °C für 15 min (Hot-Start Taq-Polymerase) gefolgt von 30 Zyklen von: 94 °C, 30 sec; 60 °C, 90 sec; 72 °C, 1 min und abschließenden 60 °C für 30 min. Die Amplifikationsprodukte wurden mit einem ABI Prism 310 Analyzer (Applied Biosystems) erfasst und die Produktgrößen vermessen, indem sie mit einem Genescan 500 ROX Standard verglichen wurden. Die neun verwendeten Mikrosatelliten wurden in zwei Multiplexreaktionen amplifiziert und dann mit

dem Analyzer analysiert. Die für die jeweiligen Multiplexreaktionen verwendeten Mikrosatelliten-Loci mit den entsprechenden Fluoreszenzlabeln sind Tabelle 13 zu entnehmen.

*Tabelle 13: Zuordnung der Labidura riparia-Mikrosatelliten-Loci zu den Multiplexreaktionen, mit Angabe der Fluoreszenzlabel der Loci.*

<b>Multiplexreaktion Nr.</b>	<b>Mikrosatelliten-Locus</b>	<b>Fluoreszenzlabel</b>
1	Lari 17	Joe
1	Lari 10	Joe
1	Lari 05	Fam
1	Lari 51	Fam
1	Lari 18	Tamra
2	Lari 77	Joe
2	Lari 14	Fam
2	Lari 39b	Fam
2	Lari 37b	Fam

Insgesamt wurden 539 Sandohrwurm-Individuen untersucht. Die unterschiedliche Zahl der untersuchten *Labidura riparia*-Individuen pro Untersuchungsstandort (zwischen 18 und 38 Individuen, Standort Sondershausen: sieben Individuen) hatte keinen Einfluss auf die genetische Diversität (Rangkorrelation: Spearman-Rho = 0,353,  $p = 0,06$ ). Für Vergleichszwecke gingen 96 Individuen aus dem Ausland (Frankreich, Gran Canaria, Sudan und Japan) in die Untersuchung ein.

#### **2.4.4.2 Datenanalyse**

Für die Mikrosatellitenanalyse der Sandohrwurmpopulationen wurde ein ABI Prism 310 (Applied Biosystems) mit Genescan 500 ROX als interner Längenstandard eingesetzt. Allele der 9 verwendeten Mikrosatelliten Loci wurden nur in die Auswertung einbezogen, wenn ein klar erkennbares Signal vorlag. Die mittels des Genetic Analyzers analysierten Allele der Individuen wurden mit dem Programm Genotyper 2.0 (Perkin-Elmer, Version für Macintosh) vermessen, verglichen und mittels eines Datentransferprogramms in eine Datenmatrix überführt (siehe Abbildung 20).



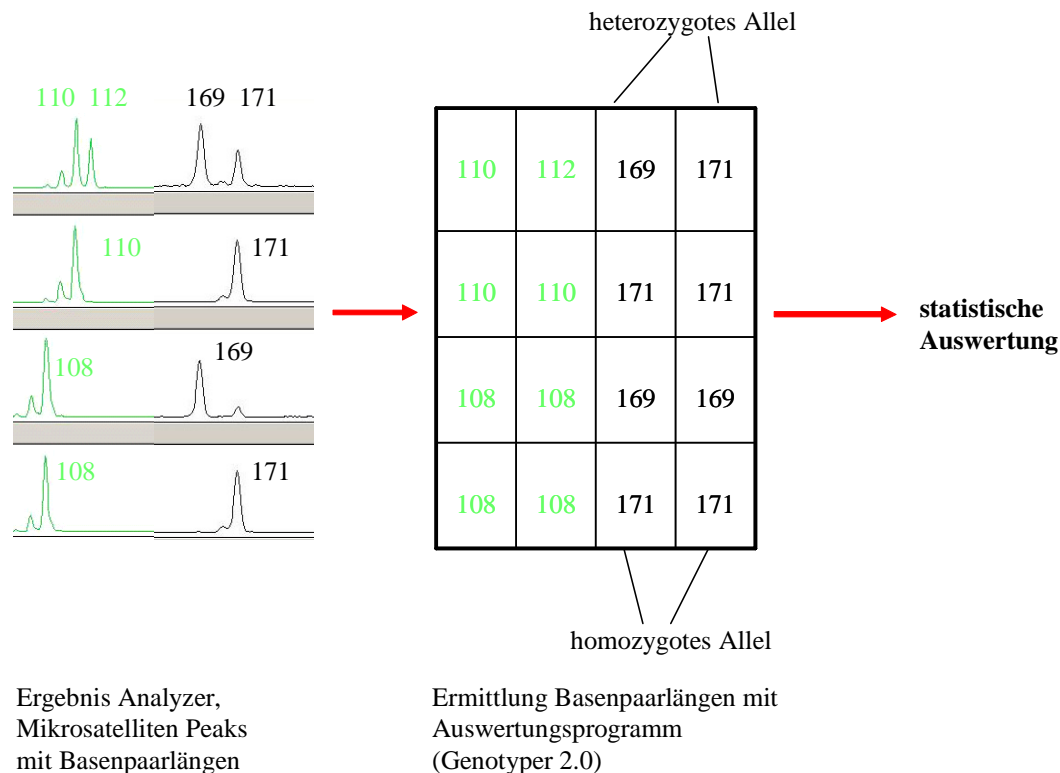


Abbildung 20: Schematische Übersicht der Auswertungsschritte von Mikrosatellitendaten am Beispiel von zwei Mikrosatellitenloci.

Die genetische Variabilität in den Sandohrwurmpopulationen wurde mit verschiedenen Parametern analysiert: Diversität, beobachtete Heterozygotie ( $H_o$ ), erwartete Heterozygotie ( $H_e$  = Gen-Diversität) und Inzuchtkoeffizient ( $F_{is}$ ), die mittels der Analyseprogramme Fstat v. 2.8 (Goudet 1995), MSA 3.0 (Dieringer & Schlötterer 2003), Arlequin ver. 2.0 (Schneider et al. 2000), Arlequin ver. 3.01 und SPSS 12.0 für Windows berechnet werden. Die Rangkorrelationstests (Einfluss von Individuenzahl auf Gen-Diversität), die Mann-Whitney U-Tests (Einfluss Habitattyp des Untersuchungsstandortes auf Allelzahl und Gen-Diversität der Sandohrwurmpopulationen) und die LSD (least significant difference)-post-hoc-Tests wurden mit SPSS 12.0 für Windows ausgeführt. Zur Quantifizierung der genetischen Variabilität zwischen den Populationen (genetische Distanz) wurde der Fixation-Index ( $F_{st}$ ) genutzt, dieser wurde mit Arlequin ver. 2.0 ermittelt. Ein Mantel-Test (Mantel 1967) erfolgte mit Arlequin ver. 3.01. Die Dendrogramme wurden mittels des Programmpaketes PHYLIP (Phylogeny Inference Package) Version 3.6 erstellt und mit Treeview (Page 1996), bzw. Drawtree (Consensustree) aus dem Programmpaket Phylip dargestellt. Analysen zur räumlichen genetischen Struktur erfolgten wie bei der Studie an *Calathus erratus* mit Korrelogrammen des „Moran's I für Allelfrequenzen“ (Moran 1950, Hardy 2003) über verschiedene Distanz-Klassen unter Nutzung des Programmes SPAGeDi v. 1.1 (Hardy & Vekemans, 2002). Auch hier wurde die Signifikanz der Korrelogramme mittels einer progressiven Bonferroni-Korrektur getestet.

Die Identifikation genetisch homogener Individuengruppen und das Auffinden von genetischen Populationsstrukturen wurde mittels eines bayesischen Algorithmus des Programms

STRUCTURE 2.0 (Pritchard et al. 2000, Falush et al. 2003) ermöglicht. Dabei wurden genetische Informationen genutzt, um die Individuen unter der Annahme des Hardy-Weinberg-Gleichgewichtes ohne Berücksichtigung ihrer Herkunft zu Clustern zu ordnen. Die Erstellung des Structure-Input-Files erfolgte mit dem Programm Convert v. 1.31 (Glaubitz 2004). Zur Ermittlung des Grades der Populationsdifferenzierung (wahrscheinlichste Anzahl an Clustern) wurde der Parameter K nach Evanno et al. (2005) mit dem Applet StructureSum (Ehrich 2006) zum Programm R berechnet. Dazu wurden die Daten mit verschiedenen K-Werten getestet (1- 9 Cluster). Hierbei wurde das „admixture model“ von STRUCTURE mit einer burn-in period von 10000 Iterationen mit 10000 Permutationen genutzt, die zehn Mal wiederholt wurden. Ähnliche Analysen wurden z.B. auch von Schöfl & Schlötterer (2006) oder Basset et al. (2006) durchgeführt, wo auch weitere Informationen zur Analysemethode zu finden sind. Die graphische Darstellung der Ergebnisse in Form eines Distruct-Plots erfolgte mittels des Programms Distruct (Rosenberg 2004). Hierbei korrespondiert jede ermittelte Säule mit einem Individuum und wird in Abhängigkeit vom ermittelten K-Wert mit der Anzahl von K-Farben dargestellt, welche der Genotypzuweisung zu dem jeweiligen Cluster widerzuspiegeln.

### 3 Ergebnisse

#### 3.1 Ergebnisse der Untersuchungen an *Calathus erratus*

##### 3.1.1 Ergebnisse der populationsgenetischen Untersuchungen

###### 3.1.1.1 Gen-Diversität, Bandenanzahl und genetische Distanz der *Calathus erratus* Populationen

Alle 90 untersuchten *Calathus erratus*-Individuen zeigten ein unterschiedliches Bandenmuster auf. Die *Calathus erratus*-Populationen wiesen zwischen 59 und 72 polymorphe Banden auf (Tabelle 14). Die genetische Variabilität der Käferpopulationen (Gen-Diversität nach Nei 1987) erreichte mit Werten zwischen  $H_e = 0,335$  und  $0,392$  (Mittelwert =  $0,362$ , Standardabweichung =  $0,019$ , Tabelle 14) in den untersuchten Populationen vergleichbar hohe Werte für alle Populationen. Ein Vergleich der Mittelwerte der Gen-Diversitäten und der Anzahl polymorpher Banden der untersuchten Käferpopulationen aus Bergbaufolgelandschaften und von Truppenübungsplätzen erbrachte kaum Unterschiede (Tabelle 14).

Die Anzahl polymorpher Banden in den Käferpopulationen nahm mit der Anzahl der untersuchten Käferpopulationen zu, wobei bereits bei fünf untersuchten Populationen fast alle in den Populationen vorkommenden polymorphen Banden nachgewiesen werden konnten (Abbildung 21). Die mittlere Anzahl polymorpher Banden je *Calathus erratus*-Individuum blieb mit ca. 38 Banden unabhängig von der Anzahl untersuchter Individuen und Populationen in etwa gleich hoch (Abbildung 21). Die genetischen Unterschiede zwischen den Käferpopulationen waren gering. Dies spiegelt sich in den genetischen Distanzen zwischen den Populationen (Fixation-Index  $F_{st}$ ) wider (Abbildung 22). Die genetische Distanz nahm mit zunehmender geographischer Entfernung zwischen den Populationen und einer höheren Anzahl an untersuchten Populationen in geringem Umfang zu. Bei 10 untersuchten Populationen wurde die größte Distanz zwischen den Populationen mit einem Maximalwert von  $0,026$  erreicht. Zwischen acht und allen 13 untersuchten Populationen änderte sich die genetische Distanz zwischen den Populationen kaum noch, sondern bleibt auf niedrigem Niveau stabil.

Tabelle 14: Übersicht über den Habitattyp, das Alter der Flächen seit Verkipfung, die Individuenanzahl, die He-Gen-Diversität und die mittlere Anzahl polymorpher Banden der untersuchten *Calathus erratus*-Populationen. Die Probeflächenkoordinaten sind Tabelle 3 zu entnehmen. Für die untersuchten Käferpopulationen der Bergbaufolgelandschaft und die Populationen der Truppenübungsplätze wurden Mittelwerte der Gen-Diversität und der Anzahl der polymorphen Banden sowie die jeweiligen Standardabweichungen berechnet.

Standort	Habitattyp	Alter (2002)	Individuenanzahl	He (Gen-Diversität)	Anzahl polymorpher Banden
<b>cP</b>	BFL	14	6	0,349	60
<b>NO</b>	BFL	14	7	0,368	66
<b>SO</b>	BFL	14	7	0,384	64
<b>NW</b>	BFL	14	7	0,384	72
<b>SW</b>	BFL	14	7	0,358	65
<b>Dorf</b>	BFL	14	6	0,354	61
<b>See</b>	BFL	14	6	0,337	59
<b>Weis</b>	gewachsen		8	0,365	68
<b>Nord</b>	BFL	27	7	0,335	62
<b>Ple</b>	BFL	56	6	0,376	67
<b>Lieb</b>	TÜP	unverkippt	7	0,340	62
<b>Holz</b>	TÜP	unverkippt	8	0,392	72
<b>Wü</b>	TÜP	unverkippt	8	0,364	68
<b>ØBFL (ohne Weis)</b>				0,361	64,40
<b>Standardabweichung</b>				0,018	4,03
<b>ØTÜP</b>				0,365	67,33
<b>Standardabweichung</b>				0,026	5,03

Tabelle 15: Übersicht über die Anzahl der untersuchten *Calathus erratus*-Individuen in Abhängigkeit von der Anzahl der untersuchten Populationen und der geographischen Entfernung zwischen den Populationen.

Anzahl Populationen	geographische Entfernung	Anzahl Individuen
<b>1</b>		6
<b>2</b>		14
<b>5</b>	1 km	34
<b>8</b>	5 km	54
<b>10</b>	bis 35 km	67
<b>13</b>	>50 km	90

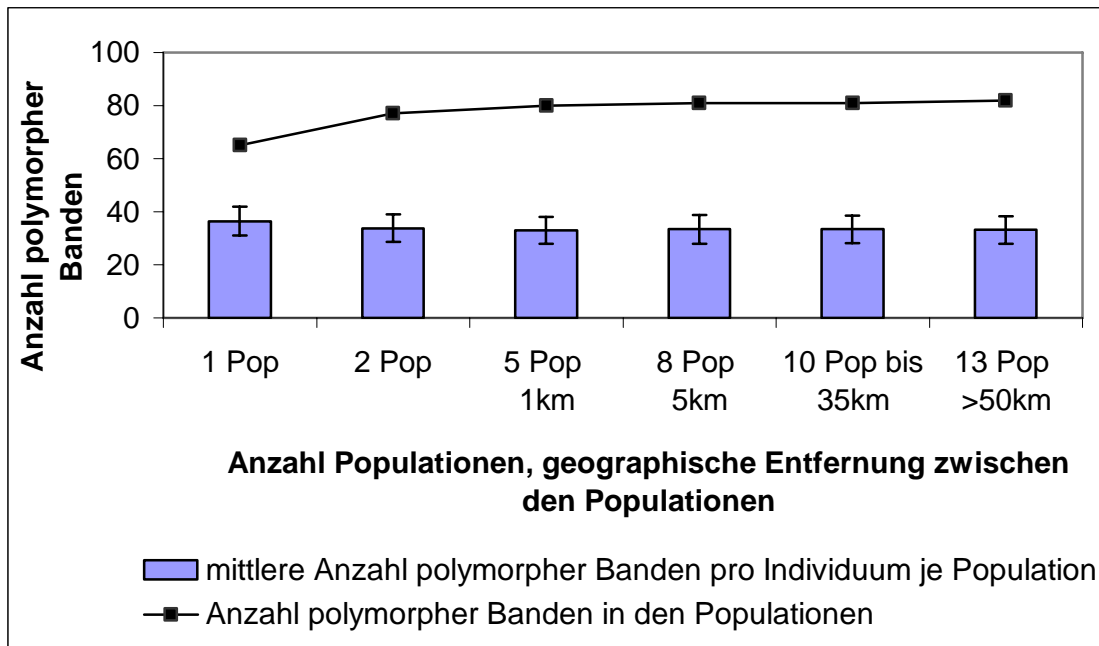


Abbildung 21: Darstellung der mittleren Anzahlen polymorpher Banden pro Individuum je Population und die Anzahl der insgesamt in den Populationen vorkommenden polymorphen Banden mit ansteigender Anzahl untersuchter *Calathus erratus*-Populationen und steigender geographischer Entfernung zwischen den Populationen. 1 Population: cP; 2 Populationen: zufällig ausgewählt SO, NW; 5 Populationen 1 km Entfernung: cP, NO, SO, NW, SW; 8 Populationen 5 km Entfernung: Dorf, See, Weis, cP, NO, SO, NW, SW; 10 Populationen bis 35 km Entfernung: Dorf, See, Weis, cP, NO, SO, NW, SW, Nord, Ple; 13 Populationen bis 100 km Entfernung: Dorf, See, Weis, cP, NO, SO, NW, SW, Nord, Ple, Lieb, Holz, Wü.

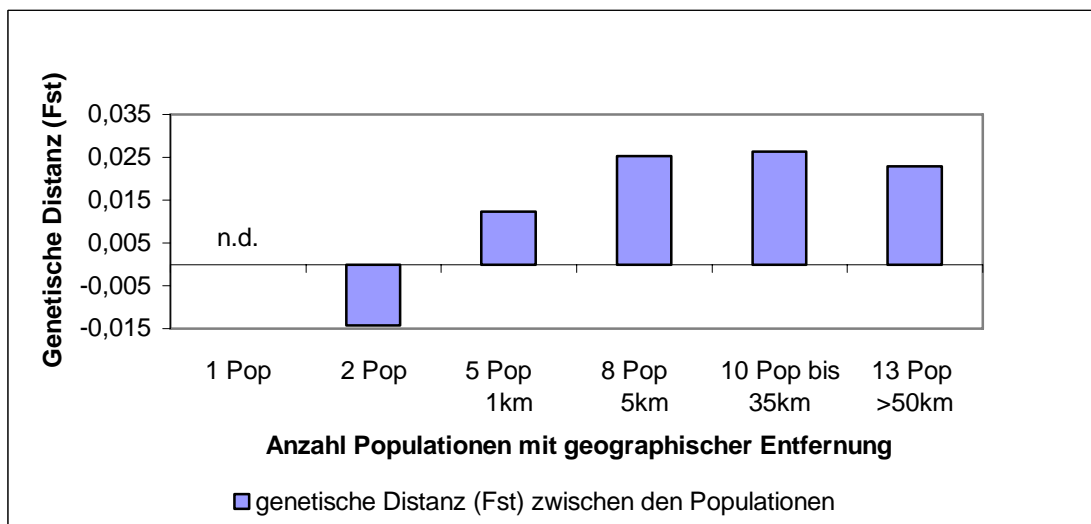


Abbildung 22: Graphische Darstellung der genetischen Distanzen (Fst) zwischen den Populationen in Abhängigkeit von der Anzahl der untersuchten Populationen und der geographischen Entfernung zwischen den Populationen, n.d. - nicht definiert. Die analysierten Populationen sind der vorherigen Abbildung zu entnehmen.

Wurden die *Calathus erratus*-Populationen bestimmter Untersuchungsflächen hinsichtlich der Anzahl polymorpher Banden in den Populationen miteinander verglichen, so wurden keine signifikanten Unterschiede zwischen Käferpopulationen aus Bergbaufolgelandschaften (BFL) und Käferpopulationen von ehemaligen Truppenübungsplätzen (TÜP) festgestellt (U-Test, Z

= -1,206,  $p = 0,228$ , Abbildung 23). Auch die Gen-Diversitäten (Abbildung 24) der Käferpopulationen von Untersuchungsstandorten aus der Bergbaufolgelandschaft unterschieden sich kaum von der Gen-Diversität der *Calathus erratus*-Populationen von ehemaligen Truppenübungsplätzen. Es wurden keine signifikanten Unterschiede zwischen den Populationen dieser Habitattypen (U-Test,  $Z = -0,463$ ,  $p = 0,643$ ) festgestellt.

Eine Verringerung der Gen-Diversität und eine damit einhergehende genetische Verarmung der *Calathus erratus*-Populationen aus der Bergbaufolgelandschaft wurden nicht bestätigt.

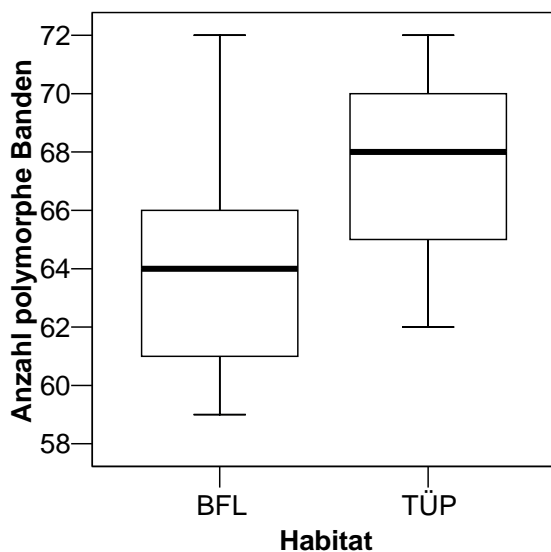


Abbildung 23: Anzahl polymorpher Banden von *Calathus erratus*-Populationen ermittelt aus 82 AFLP-Banden. Die Käferpopulationen von Untersuchungsstandorten aus der Bergbaufolgelandschaft BFL ( $n = 9$ ) wurden mit den Käferpopulationen von Truppenübungsplätzen TUP ( $n = 3$ ) verglichen, BFL ist nicht signifikant verschieden von TUP (U-Test,  $p = 0,228$ ).

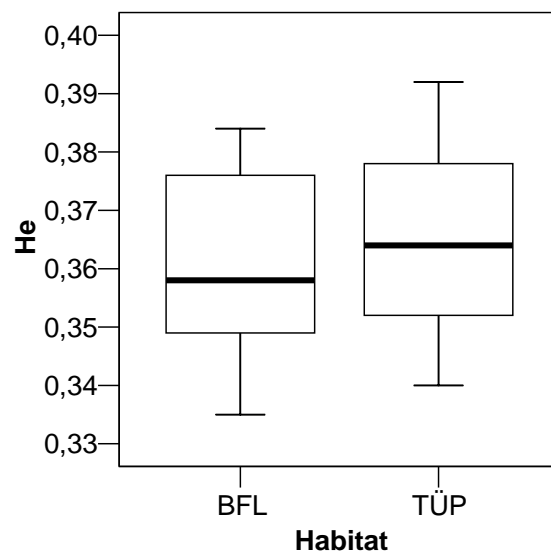


Abbildung 24: Gen-Diversität  $H_e$  von *Calathus erratus*-Populationen ermittelt aus 82 AFLP-Banden. Die Käferpopulationen von Untersuchungsstandorten aus der Bergbaufolgelandschaft BFL ( $n = 9$ ) wurden mit den Käferpopulationen von Truppenübungsplätzen TUP ( $n = 3$ ) verglichen, BFL ist nicht signifikant verschieden von TUP (U-Test,  $p = 0,643$ ).

Anhand eines Mann-Whitney-U-Testes wurde gezeigt, dass sich die Anzahl polymorpher Banden in den Käferpopulationen der jungen Bergbaufolgelandschaftsflächen (Standorte Schlabendorf-Süd, ohne Standort Weis, 14 Jahre) von der älteren Bergbaufolgelandschaftsflächen (Schlabendorf Nord, 27 Jahre und Plessa, 56 Jahre) nicht signifikant unterschieden ( $p = 0,559$ ). Ähnliche Ergebnisse wurden auch für Gen-Diversitäten der *Calathus erratus*-Populationen erzielt. Es wurden keine signifikanten Unterschiede zwischen den Gen-Diversitäten der jungen Bergbaufolgelandschaftsflächen und der alten Bergbaufolgelandschaftsflächen festgestellt ( $p = 0,557$ ). Auch zwischen den Gen-Diversitäten der Käferpopulationen der jungen Flächen (junge Bergbaufolgelandschaftsflächen <20 Jahre) und alter Flächen (alte Bergbaufolgelandschaftsflächen >20 Jahre und Truppenübungsplätze) war kein Unterschied feststellbar ( $p = 0,935$ ). Bei der Anzahl polymorpher Banden in den Käferpopula-

tionen konnten ebenfalls zwischen jungen Flächen (junge BFL) und alten Flächen (alte BFL > 20 Jahre und TÜP) keine Unterschiede aufgezeigt werden ( $p = 0,254$ ).

Ein Einfluss des Alters der Untersuchungsstandorte auf die Gen-Diversität und die Anzahl polymorpher Banden der untersuchten *Calathus erratus*-Populationen war nicht nachzuweisen.

### 3.1.1.2 Populationsdifferenzierung und räumliche Populationsstruktur

Die Analyse der molekularen Varianz (AMOVA) zeigte eine geringe, auf die räumliche Struktur zurückzuführende Differenzierung zwischen den Laufkäferpopulationen auf. Der überwiegende Anteil der genetischen Variation (97,7%) trat innerhalb der untersuchten Käferpopulationen auf (Tabelle 16), nur 2,3% der Variation wurde zwischen den Populationen erklärt. Die genetische Distanz ( $F_{st}$ ) zwischen den untersuchten *Calathus erratus*-Populationen zeigte mit einem Wert von 0,023 (Tabelle 16) sehr geringe genetische Entfernungen auf. Auch zwischen den einzelnen Populationen waren die genetischen Distanzen gering und es bestanden kaum signifikanten Zusammenhänge (siehe dazu Tabelle 29 im Anhang).

Zwischen den Käferpopulationen ist ein hoher Austausch von genetischem Material vorhanden.

Tabelle 16: Analyse der Populationsdifferenzierung der 13 untersuchten *Calathus erratus*-Populationen mit einer Analyse der molekularen Varianz (AMOVA): 90 Käfer aus 13 Populationen, 82 polymorphe AFLP Banden, \* - signifikante Unterschiede ( $p < 0,05$ ).

Genetische Variation	d.f.	Summe der Quadrate	Varianzanteile	prozentuale Variation
Zwischen den Populationen	12	207,48	0,349	2,29* ( $p < 0,001$ )
Innerhalb der Populationen	77	1145,67	14,879	97,71
Insgesamt	89	1353,16	15,228	
Fixation Index	$F_{st}$ : 0,023			

Weitere Analysen der molekularen Varianz (AMOVA) wurden für die *Calathus erratus*-Populationen mit verschiedenen Gruppierungen durchgeführt (siehe Tabelle 17). Bei Tests aller untersuchten Käferpopulationen der Bergbaufolgelandschaften gegen die Populationen der Truppenübungsplätze, konnten geringe, signifikante genetische Unterschiede zwischen diesen Standorten festgestellt werden (Tabelle 17-1). Wurden nur die *Calathus erratus*-Populationen des Hauptuntersuchungsgebietes Schlabendorf-Süd (Tabelle 17-2), oder die Käferpopulationen der alten Bergbaufolgelandschaften Schlabendorf-Nord und Plessa gegen die Populationen der Truppenübungsplätze getestet (Tabelle 17-3), so wurden keine signifikanten genetischen Variationen zwischen den Gruppen festgestellt. Keine signifikante Differenzierung waren weiterhin zwischen den Käferpopulationen von Standorten mit Primär- und

Sekundärsukzession (incl. Standort Weis, Tabelle 17-4), zwischen jungen und alten Bergbaufolgelandschaftsflächen (Tabelle 17-5, Tabelle 17-6), sowie zwischen Käferpopulationen der Untersuchungsstandorte mit geringen (1 km) und mittelgroßen geographischen Entfernungen (5 km, Tabelle 17-7) in Schlabendorf Süd nachzuweisen.

Einflüsse des Alters der Bergbaufolgelandschaften nach Verkipfung, sowie von kleinräumigen geographischen Entfernungen zwischen den Untersuchungsstandorten auf die genetische Variabilität innerhalb und zwischen den untersuchten Käferpopulationen und die genetische Distanz zwischen den Population wurden nicht nachgewiesen.

Tabelle 17: Hierarchische Analyse der molekularen Varianz (AMOVA) der *Calathus erratus*-Populationen verschiedener Untersuchungsstandorte, \* - signifikante Unterschiede.

	Gruppen	% Variation zwischen den Gruppen	% Variation innerhalb der Gruppen	Innerhalb der Populationen	Genetische Distanz (Fst)
1.	Alle BFL vs. TUP	1,00* (p<0,05)	1,05 ns.	97,96* (p<0,04)	0,020
2.	BFL (Schlabendorf-Süd) vs. TUP	0,98 ns.	0,65 ns.	98,37 ns.	0,016
3.	cP,Nord,Ple vs. TUP	1,49 ns.	0,93 ns.	97,58 ns.	0,024
4.	Standorte mit Primärsukzession vs. Standorte mit Sekundärsukzession	0,20 ns.	2,19* (p<0,006)	97,16* (p<0,001)	0,022
5.	junge BFL vs. alte BFL	0,05 ns.	1,75* (p<0,03)	98,20* (p<0,03)	0,018
6.		0,13 ns.	1,69* (p<0,04)	98,18 ns.	0,018
7.	Schlabendorf 1 km vs. Schlabendorf 5 km	1,82 ns.	-0,37 ns.	98,55 ns.	0,015

*Analysierte Populationen:*

1. BFL alle Standorte: cP, NO, NW, SO, SW, Dorf, See, Nord, Ple vs. TUP: Holz, Lieb, Wü.

2. BFL nur Schlabendorf- Süd: cP, NO, NW, SO, SW, Dorf, See vs. TUP: Holz, Lieb, Wü.

3. alte Bergbaufolgelandschaften (>26 Jahre nach Verkipfung+ cP): cP, Nord, Ple vs. TUP: Holz, Lieb, Wü.

4. Standorte mit Primärsukzession: cP, NO, NW, SO, SW, Dorf, See, Nord, Ple vs. Standorte mit Sekundärsukzession: Holz, Lieb, Wü, Weis.

5. junge BFL bis 14 Jahre nach Verkipfung: cP, NO, NW, SO, SW, Dorf, See vs. alte BFL (>26 Jahre nach Verkipfung): Nord, Ple.

6. junge BFL bis 14 Jahre nach Verkipfung (nur Schlabendorf- Süd 1km): cP, NO, NW, SO, SW vs. alte BFL(>26 Jahre nach Verkipfung): Nord, Ple.

7. BFL Schlabendorf- Süd 1 km Umland um cP: cP, SN, SO, SS, SW vs. BFL Schlabendorf- Süd 5 km Umland um cP: cp, See, Dorf.

Es wurde keine räumliche Autokorrelation der *Calathus erratus*-Populationen der Untersuchungsstandorte (geographische Entfernungen bis 125 km) nachgewiesen. Bei einer räumlichen genetischen Autokorrelationsanalyse mit Korrelogrammen des „Moran's I“ (Moran 1950) über verschiedenen Distanz-Klassen (Abbildung 25) wurden keine signifikanten Zusammenhänge festgestellt. Eine räumliche genetische Populationsstruktur der Käferpopulationen war nach dieser Berechnung nicht vorhanden. Nur im unmittelbaren Nahbereich wurde



eine positive räumliche Autokorrelation zwischen genetischer Ähnlichkeit der Laufkäfer und geographischer Entfernung festgestellt.

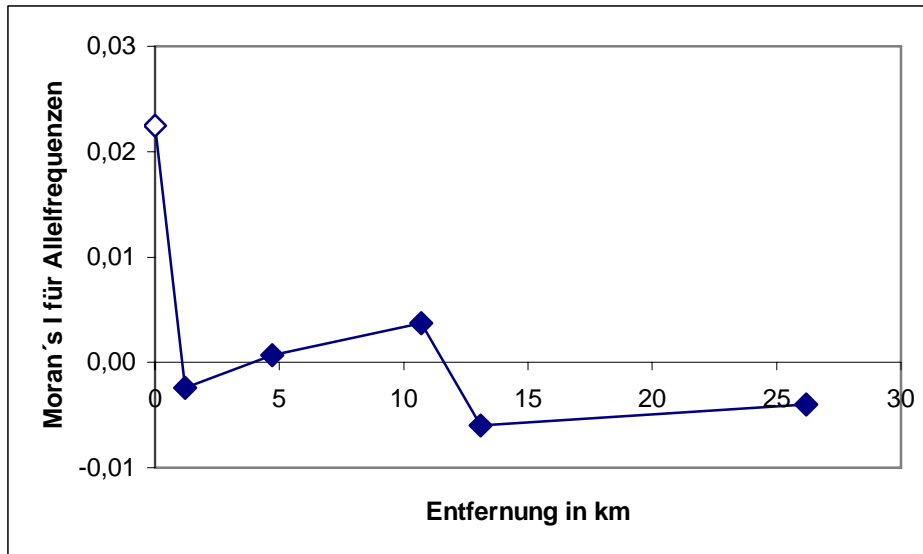


Abbildung 25: Räumliche genetische Autokorrelation der *Calathus erratus*-Populationen basierend auf AFLP-Daten; gefüllte Karos: nicht signifikant, leere Karos: signifikant.

Auch ein Mantel-Test zeigte keine Korrelation zwischen genetischer Distanz der Laufkäferpopulationen und geographischer Entfernung der Untersuchungsstandorte (Manteltest:  $p = 0,79$ ).

Wurden die Werte der genetischen Distanz (Fixation-Index  $F_{st}$ ) der Käferpopulationen mit Werten zwischen -0,04 und 0,10 gegen die geographische Entfernung (1 km bis 120 km) aufgetragen (Abbildung 26) war eine entfernungsabhängige Änderung der genetischen Distanzen zwischen den Populationen ebenfalls nicht nachzuweisen.

Erst zwischen geographisch weit auseinander liegenden *Calathus erratus*-Populationen (>100 km) können Einschränkungen im Genfluss zwischen den einzelnen Populationen auftreten.

In Abbildung 50 und Abbildung 51 im Anhang wurde für die beiden Primerkombinationen Eco RI-ACT Mse I CAC und Eco RI-ACG Mse I CAC das Vorhandensein, bzw. Fehlen der polymorphen Banden für jedes untersuchte *Calathus erratus*-Individuum aufgetragen. Ein klares Fehlen einzelner Banden in bestimmten Populationen war nicht festzustellen. Auch zwischen den Untersuchungsstandorten Bergbaufolgelandschaften und Truppenübungsplätzen wurden in der Bandenstruktur keine Unterschiede nachgewiesen. Einige Banden traten jedoch in bestimmten Populationen häufiger (wie F101, F140, F211, J56, J167, J176, J196) oder seltener (wie F219, F288, F290 oder J77, J245, J272, J282) auf. Besonders im Bereich von Basenpaarlängen über 230 Basenpaaren fehlten einige Banden bei vielen Individuen.

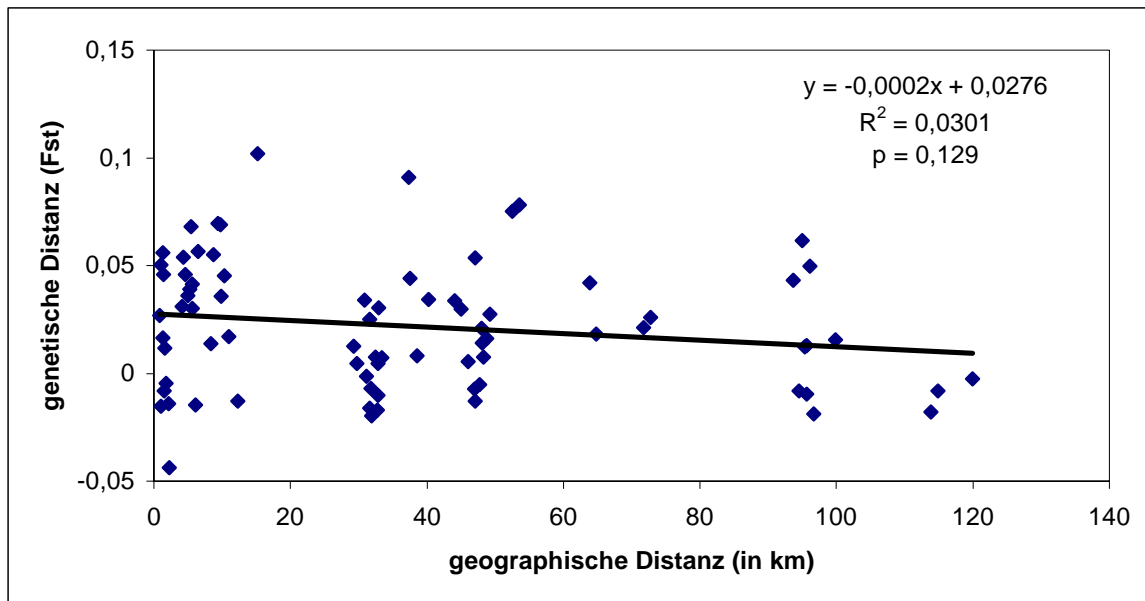


Abbildung 26: Paarweise genetische Distanzen der untersuchten *Calathus erratus*-Populationen ( $F_{st}$ ) als Funktion der geographischen Distanzen.

### 3.1.2 Zeitliche genetische Variabilität

Um den Einfluss des Faktors Zeit auf die Entwicklung der genetischen Diversität von *Calathus erratus*-Populationen zu testen, wurden drei Untersuchungsstandorte in drei Bergbaufolgelandschaften unterschiedlichen Alters zusätzlich in den Jahren 2001 und 2003 beprobt und die gefangenen Käfer genetisch miteinander verglichen:

- Standort Schlabendorf-Süd (cP), ca. 14 Jahre nach Ende der bergbaulichen Nutzung,
- Standort Schlabendorf-Nord (Nord), ca. 27 Jahre nach Ende der bergbaulichen Nutzung,
- Standort Plessa weißer Berg (Ple), ca. 56 Jahre nach Ende der bergbaulichen Nutzung.

Eine Analyse der molekularen Varianz ergab keine eindeutigen Muster einer zeitlichen Unterscheidung. Es wurden keine signifikanten genetischen Unterschiede zwischen den *Calathus erratus*-Populationen der Untersuchungsjahre 2001 und 2003 gefunden (siehe Tabelle 18). Auch bei der Analyse der molekularen Varianz der einzelnen Standorte cP, Nord und Ple konnten keine Unterschiede zwischen den beiden Untersuchungsjahren festgestellt werden. Die genetische Variation der analysierten Käfer zwischen den Untersuchungsjahren war gering (Tabelle 18).

Die genetische Distanz der Käferpopulationen zwischen den Untersuchungsjahren an den einzelnen Untersuchungsstandorten wies ähnliche Werte auf.

Tabelle 18: Analyse der genetischen Variabilität und der genetischen Distanz der drei Untersuchungsstandorte Schlabendorf-Süd (cP), Schlabendorf-Nord (Nord) und Plessa (Ple) für die Jahre 2001 und 2003, \* - signifikante Unterschiede. <sup>1</sup>: cP 2001, Nord 2001, Ple 2001 vs. cP 2003, Nord 2003, Ple 2003.

Untersuchungs-standorte	Anzahl Individuen	% Variation zwischen den Gruppen	% Variation innerhalb der Gruppen	Innerhalb der Populationen	Genetische Distanz (Fst)
2001 vs. 2003 <sup>1</sup>	16/21	-0,71 ns.	1,22 ns.	99,49 ns.	0,005
Untersuchungs-standorte	Anzahl Individuen	% Variation zwischen den Jah-ren		Innerhalb der Jahre	Genetische Distanz (Fst)
cP 2001 vs. 2003	4/7	2,12 ns.		97,88	0,021
Nord 2001 vs. 2003	8/7	-1,15 ns.		101,15	-0,011
Ple 2001 vs. 2003	4/7	2,07 ns.		97,93	0,021

Ein Einfluss des Alters der Fläche auf die genetische Struktur der *Calathus erratus*-Populationen der Untersuchungsstandorte wurde nicht nachgewiesen.

### 3.1.3 Flügeldimorphismus bei *Calathus erratus*

Insgesamt wurden 318 Individuen der Art *Calathus erratus* von allen 13 Untersuchungsstandorten hinsichtlich ihres Beflügelungsstatusses untersucht. Dabei wurden 29 lang geflügelte Käfer gefunden.

In Deutschland tritt die dimorphe Laufkäferart *Calathus erratus* überwiegend kurz geflügelt auf. Auf den jungen Untersuchungsflächen der Bergbaufolgelandschaft Schlabendorf Süd (cP, NO, NW, SO, SW und Dorf) wurden bei der vorliegenden Studie bis zu 39% langflügelige (makroptere) *Calathus erratus*-Individuen (Tabelle 19) nachgewiesen. Bei den lang geflügelten Individuen handelte es sich sowohl um weibliche, als auch um männliche Tiere. Im Bereich der älteren Bergbaufolgelandschaftsflächen und auf den ehemaligen Truppenübungsplätzen wurden keine geflügelten *Calathus erratus*-Individuen gefunden.

Tabelle 19: Beflügelungszustand der 318 an den 13 Untersuchungsstandorten im Untersuchungsjahr 2002 gefangenen *Calathus erratus*-Individuen, der Standort cP wurde auch im Jahr 2003 (cP\*) beprobt.

Fläche	männlich		weiblich		Anzahl gefangene Käfer	Anteil lang geflügelter Käfer (%)
	kurz geflügelt	lang geflügelt	kurz geflügelt	lang geflügelt		
cP	9	2	13	4	28	21,4
cP *	1	0	7	5	13	38,5
NO	3	3	18	4	28	25,0
NW	5	0	4	2	11	28,2
SO	6	2	18	2	28	14,3
SW	7	1	15	0	23	4,3
Dorf	2	2	2	1	7	42,9
See	13	0	9	0	22	0,0
Weis	8	0	17	0	25	0,0
Nord	12	0	21	0	33	0,0
Ple	17	0	23	0	40	0,0
Holz	11	0	13	0	24	0,0
Lieb	6	0	14	0	20	0,0
Wü	5	0	9	0	14	0,0

Vergleicht man die lang geflügelten und die kurz geflügelten *Calathus erratus*-Individuen der Untersuchungsstandorte aus Schlabendorf-Süd genetisch mittels einer Analyse der molekularen Varianz miteinander, so werden durch den Beflügelungszustand signifikante genetische Unterschiede von über 5% erklärt (Tabelle 20). Die Fähigkeit Flügel auszubilden wird, wie bei anderen *Calathus*-Arten nachgewiesen wurde, bei *Calathus erratus* wahrscheinlich genetisch determiniert.

Tabelle 20 . Analyse der molekularen Varianz (AMOVA) der *Calathus erratus*-Individuen aus Schlabendorf-Süd (NO, NW, cP, SO, Dorf) getrennt nach kurz geflügelten und lang geflügelten Individuen (je 8 Individuen), \* - signifikante Unterschiede.

Genetische Variation	d.f.	Summe der Quadrate	Varianzanteile	prozentuale Variation
Zwischen geflügelten und nicht geflügelten Individuen	1	14,52	0,548	5,59* (p = 0,01)
Innerhalb der Gruppen	18	166,58	9,255	94,41
Insgesamt	19	181,10	9,803	
Fixation Index	F <sub>st</sub> : 0,056			

### 3.1.4 Genetische Unterschiede zwischen *Calathus erratus* und *Calathus ambiguus*

Ein Nebenaspekt der genetischen Analysen an *Calathus erratus* betraf die Feststellung genetischer Unterschiede zwischen den morphologisch ähnlichen Laufkäferarten *Calathus erratus* und *Calathus ambiguus* in Form eines charakteristischen Bandenmusters.

Die beiden Arten waren mittels AFLP genetisch gut voneinander zu unterscheiden. Charakteristische Banden von fixierten Privatallelen, d.h. von Allelen, die nur bei *Calathus erratus* oder *Calathus ambiguus* auftraten, sind für die beiden Primerkombinationen Eco RI-ACT Mse I-CAC und Eco RI-ACG Mse I-CAC in Tabelle 21 zusammengestellt. Eine eindeutige Unterscheidung der beiden Arten anhand des Bandenmusters war gut möglich (vgl. Abbildung 27 und Abbildung 28). Bei der Primerkombination Eco RI-ACT Mse I-CAC traten z.B. die Banden bei einer Länge von 179 und 202 Basenpaaren (Ziffern zwei und drei rot in Tabelle 21) nur bei *Calathus erratus* auf, während dessen die Bande bei 289 Basenpaaren und die Doppelbande bei 307 und 314 Basenpaaren (Ziffern 3 und 4 grün in Tabelle 21) nur bei *Calathus ambiguus* festgestellt wurden. Charakteristische Bandenmuster für *Calathus erratus* und *Calathus ambiguus* wurden auch für die Primerkombination Eco RI-ACG Mse I-CAC gefunden, diese sind ebenfalls in Tabelle 21 aufgelistet.

Tabelle 21: Fixierte Privatallele (mit Angabe der Länge in Basenpaaren, Bp) der Primerkombinationen Eco RI-ACT Mse I-CAC und Eco RI-ACG Mse I-CAC, die jeweils charakteristisch für *Calathus erratus*- oder *Calathus ambiguus*-Individuen sind.

Charakteristische Banden <i>Calathus erratus</i>		Charakteristische Banden <i>Calathus ambiguus</i>	
Primerkombination Eco RI-ACT Mse I-CAC			
1	Bande bei 79Bp	1	dünne Doppelbande bei 135 und 137 Bp
2	Bande bei 179Bp	2	Doppelbande bei 261 und 267Bp
3	Doppelbande bei 202Bp	3	Bande bei 289Bp
4	Bande bei 252Bp	4	Doppelbande bei 307 und 314Bp
5	Bande bei 278 Bp		
6	Bande bei 350 Bp		
7	Bande bei 420 Bp		
Primerkombination Eco RI-ACG Mse I-CAC			
8	Bande bei 105Bp	5	Bande bei 94Bp
9	Bande bei 167Bp	6	Bande bei 161Bp
10	Bande bei 203Bp	7	Doppelbande bei 334 und 337 Bp
11	Bande bei 262Bp		

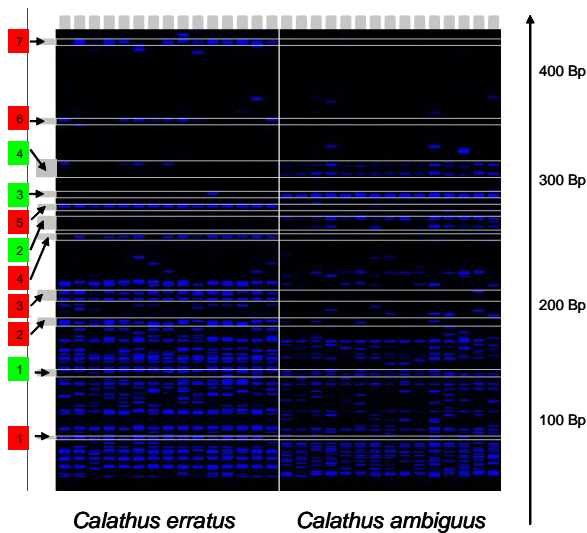


Abbildung 27: Graphische Darstellung des Bandenmusters von 15 *Calathus erratus*-Individuen (links) und 15 *Calathus ambiguus* Individuen (rechts) mit Angabe fixierter privater Allele für die Primerkombination Eco RI-ACT Mse I-CAC und der Länge der Fragmente in Basenpaaren. Die Ziffern beziehen sich auf die in Tabelle 21 aufgeführten Privatallele. 1-7 **rot**- Privatallel *Calathus erratus*, 1-4 **grün**- Privatallel *Calathus ambiguus*.

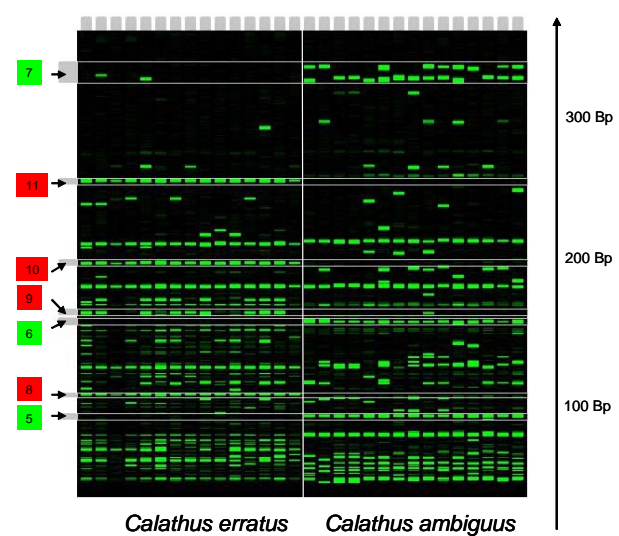


Abbildung 28: Graphische Darstellung des Bandenmusters von 15 *Calathus erratus*-Individuen (links) und 15 *Calathus ambiguus* Individuen (rechts) mit Angabe fixierter privater Allele für die Primerkombination Eco RI-ACG Mse I-CAC und der Länge der Fragmente in Basenpaaren. Die Ziffern beziehen sich auf die in Tabelle 21 aufgeführten Privatallele. 8-11 **rot**- Privatallel *Calathus erratus*, 5-7 **grün**- Privatallel *Calathus ambiguus*.

## 3.2 Ergebnisse der Untersuchungen an *Labidura riparia*

### 3.2.1 Faunistik

Die Auswertung der Sandohrwurmfänge aus Bodenfallen für einen Fangzeitraum von 17 Monaten aus dem Untersuchungsgebiet Schlabendorf-Süd (vgl. Kapitel 2.4.1) erbrachte den Nachweis einer hohen Aktivität der Tiere besonders in den Sommermonaten von Juni bis Mitte September (siehe Abbildung 29). Jungtiere wurden von Anfang Mai bis Anfang September gefangen. *Labidura riparia*-Individuen wurden nur in Fallen nachgewiesen, die sich in sandigen Habitaten mit offenen Bereichen befanden. Weist die Landschaft in der Fallenumgebung eine höhere Vegetationsbedeckung auf, konnten keine Sandohrwürmer gefangen werden. Eine Untersuchung des Beflügelungszustandes der adulten Tiere erbrachte, dass bei allen Sandohrwürmern Flügel ausgebildet waren. Eine Vermessung der Flügellängen ergab bei weiblichen Individuen Flügellängen zwischen 1,17 und 2,93 mm und Flügellängen zwischen 1,20 und 3,55 mm bei den Männchen.

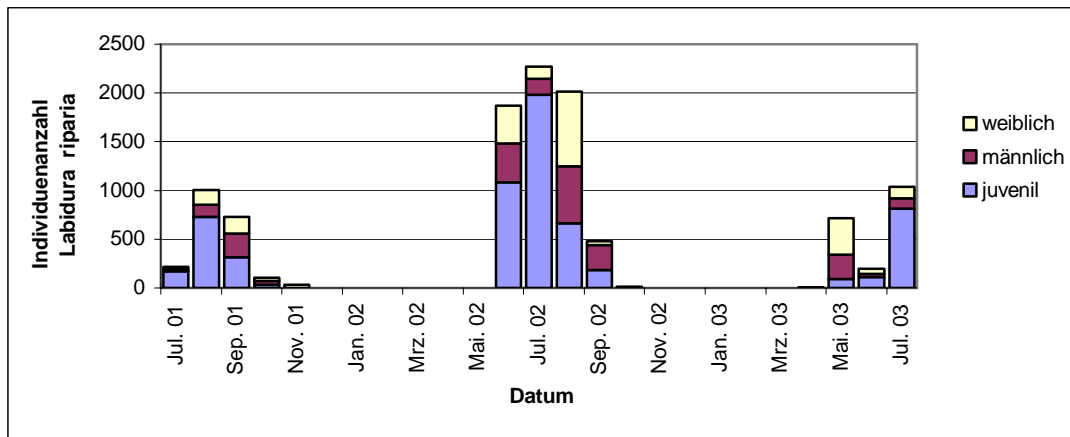


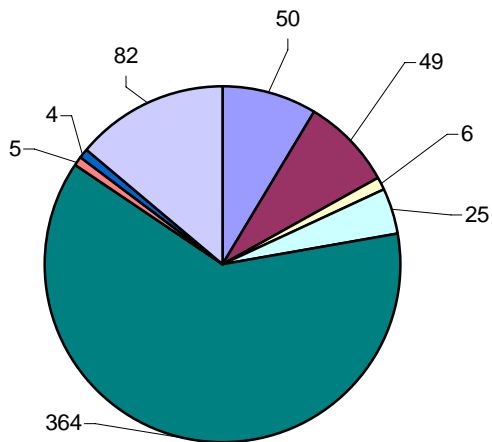
Abbildung 29: Saisonale Verteilung der Ohrwurmfränge aus Bodenfallen, Auswertung von Bodenfallenmaterial aus SUBICON I (2001-2003).



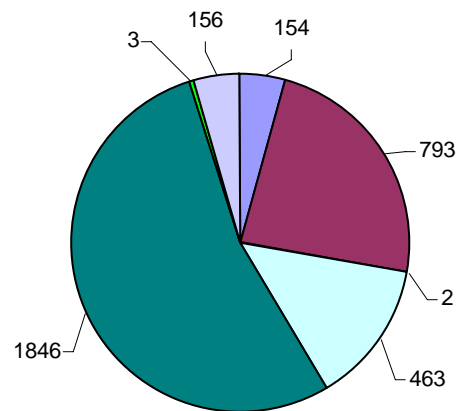
Abbildung 30: Luftklektor (li) und Malaisefalle (re) als Flugfallen im Untersuchungsgebiet Schlabendorf-Süd (cP) im Einsatz.

Da alle untersuchten Sandohrwürmer Flügel aufwiesen, wurde durch den Einsatz von Flugfallen im Hauptuntersuchungsgebiet Schlabendorf-Süd versucht, Flugnachweise für *Labidura riparia* zu erbringen. Mit den beiden eingesetzten Malaisefallen und drei Luftklektoren an zwei Standorten wurden im Zeitraum von vier Wochen insgesamt 4002 Arthropoden erfasst. Große Anteile des Fanges gehörten den Gruppen der Diptera, Hymenoptera, Coleoptera und Lepidoptera an. Die höchsten Fanganteile wurden bei den Luftklektoren durch Diptera und Lepidoptera und bei Malaisefallen durch Diptera und Coleoptera erzielt (Abbildung 31a, b).

a) Luftklektoren



b) Malaisefallen



Lepidoptera    Coleoptera    Araneae    Hymenoptera    Diptera  
 Staphylinidae    Myriapoda    Heteroptera    übrige Taxa

Abbildung 31: Individuenanzahlen der gefangenen Arthropodengruppen beim vierwöchigen Einsatz von drei Luftklektoren (a) und zwei Malaisefallen (b).

Weder mit den eingesetzten Luftklektoren noch mit den eingesetzten Malaisefallen wurden Sandohrwürmer gefangen. Es konnte damit trotz einer hohen Anzahl gefangener *Labidura riparia*-Individuen am Boden kein Flugnachweis für den Sandohrwurm erbracht werden.



### 3.2.2 Ergebnisse der populationsgenetischen Untersuchungen

#### 3.2.2.1 Gen-Diversität, Bandenanzahl und genetische Distanz der *Labidura riparia* Populationen

Für die Untersuchungen zur genetischen Populationsstruktur des Sandohrwurmes wurden 21 *Labidura riparia*-Populationen von Standorten aus den Bergbaufolgelandschaften, von Truppenübungsplätzen, von einer Kalihalde, der Ostseeküste und einer Binnendüne untersucht. Diese Ohrwurmpopulationen wiesen eine hohe genetische Diversität auf. Jeder untersuchte Sandohrwurm zeigte ein anderes Bandenmuster.

Die mittlere Allelanzahl der Individuen in den einzelnen Populationen lag zwischen 3,6 und 6,3 Allelen (Tabelle 22). Die ermittelte Gen-Diversität ( $H_e$ ) erreichte Werte zwischen 0,467 und 0,716. Die Werte für die beobachtete Heterozygotie ( $H_o$ ) waren in allen untersuchten Ohrwurmpopulationen der Untersuchungsstandorte geringer als die erwartete Heterozygotiewerte ( $H_e$ ) (Tabelle 22). Dies lässt auf einen Heterozygotenmangel schließen. Von den 21 untersuchten Sandohrwurmpopulationen befanden sich 15 Populationen nicht im Hardy-Weinberg-Gleichgewicht (Tabelle 22, Fis-Werte fett markiert).

Wurden die *Labidura riparia*-Populationen der Untersuchungsstandorte der Küste, der Binnendüne, der ehemaligen Truppenübungsplätze (TÜP) und der Bergbaufolgelandschaften (BFL) hinsichtlich ihrer Allelanzahl verglichen, so zeigte sich, dass die Populationen der Küste und Binnendüne signifikant weniger variabel waren als die Populationen der ehemaligen Truppenübungsplätze (TÜP) und der Bergbaufolgelandschaften (BFL) (post-hoc-Test,  $F = 8,2$ ,  $p = 0,002$ , Abbildung 32).

Auch die Gen-Diversitäten der Sandohrwurmpopulationen der Untersuchungsstandorte auf ehemaligen Truppenübungsplätzen und in Bergbaufolgelandschaften wiesen signifikant höhere Werte als die natürlichen „Primärhabitats“ Küste und Binnendüne (Abbildung 33, post-hoc-Test,  $F = 7,1$ ,  $p = 0,00$ ) auf.

Eine genetische Verarmung der Sandohrwurmpopulationen der anthropogen geschaffenen „Sekundärhabitats“ Bergbaufolgelandschaft und Truppenübungsplätze ließ sich nicht bestätigen. Flaschenhalseffekte (bottlenecks) traten somit im Laufe der Kolonisierung nicht auf.

Tabelle 22: Genetische Variabilität der untersuchten *Labidura riparia*-Populationen (vgl. Tabelle 10). Fixierungs-Index (Fis, p-Wert, fett markiert: Population nicht im Hardy-Weinberg-Gleichgewicht), erwartete Heterozygotie (He-Gen-Diversität), beobachtete Heterozygotie (Ho), und mittlere Allelzahl. Ø - Mittelwert, Staw - Standardabweichung.

Fläche	Habitattyp	Individuen- anzahl	Fis	p-Wert	He	Ho	mittlere Allelzahl
cP	BFL	27	0,050	0,115	0,670	0,637	5,7
SN	BFL	29	<b>0,119</b>	0,002	0,716	0,633	6,0
SO	BFL	30	<b>0,254</b>	0,001	0,690	0,517	6,3
SS	BFL	26	<b>0,112</b>	0,005	0,657	0,584	5,8
SW	BFL	31	<b>0,135</b>	0,001	0,674	0,584	5,7
Dorf	BFL	29	0,050	0,095	0,664	0,632	5,8
Nord	BFL	26	<b>0,139</b>	0,002	0,685	0,592	5,8
PleO	BFL	20	<b>0,096</b>	0,015	0,660	0,599	4,7
PleU	BFL	30	<b>0,124</b>	0,001	0,703	0,617	5,4
CB	BFL	29	0,029	0,226	0,660	0,641	5,0
L	BFL	18	-0,054	0,868	0,629	0,662	5,1
Lieb	TÜP	31	<b>0,129</b>	0,002	0,688	0,601	6,3
Lieb+	TÜP	27	<b>0,184</b>	0,001	0,680	0,557	5,4
Does	TÜP	18	<b>0,148</b>	0,002	0,700	0,599	5,6
Doew	TÜP	20	0,023	0,292	0,656	0,641	5,3
Hid	Küste	27	<b>0,165</b>	0,004	0,467	0,391	3,6
Hid+	Küste	29	<b>0,172</b>	0,001	0,580	0,482	5,0
Alt	Küste	38	<b>0,083</b>	0,014	0,652	0,599	4,8
Due	Düne	25	<b>0,209</b>	0,001	0,635	0,505	4,1
Due+	Düne	22	<b>0,213</b>	0,001	0,548	0,434	4,1
Son	Halde	7	0,000	0,557	0,651	0,651	3,9
			<b>ØBFL</b>	0,096	0,660	0,641	5,0
			<b>Staw.</b>	0,078	0,024	0,040	0,478
			<b>ØTÜP</b>	0,121	0,700	0,599	5,6
			<b>Staw.</b>	0,069	0,019	0,034	0,454
			<b>ØKüste</b>	0,140	0,652	0,599	4,8
			<b>Staw.</b>	0,049	0,093	0,104	0,778
			<b>ØDüne</b>	0,211	0,635	0,505	4,1
			<b>Staw.</b>	0,003	0,062	0,050	0,000

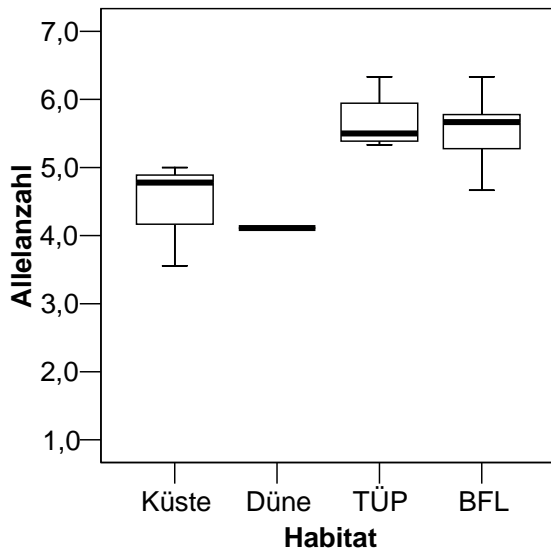


Abbildung 32: Mittlere Allelanzahlen von *Labidura riparia* ermittelt an 9 Mikrosatelliten-Loci. Die Sandohrwurmpopulationen von Untersuchungsstandorten an der Küste ( $n = 3$ ), der Binnendüne ( $n = 2$ ), von Truppenübungsplätzen ( $n = 4$ ) und Bergbaufolgelandschaften ( $n = 10$ ) wurden verglichen, Küste und Düne sind signifikant verschieden von TUP (post-hoc-Test,  $p = 0,006$ ,  $p = 0,002$ ) und BFL (post-hoc-Test,  $p = 0,004$ ,  $p = 0,003$ ).

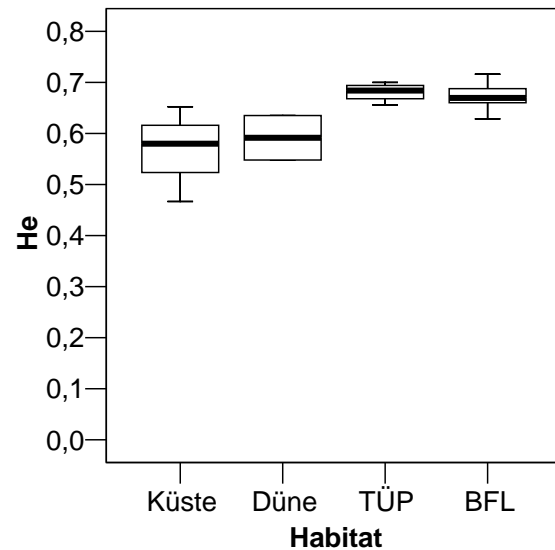


Abbildung 33: Gen-Diversität  $H_e$  von *Labidura riparia* an 9 Mikrosatelliten-Loci. Die erwartete Heterozygotie/Gen-Diversität  $H_e$  von Sandohrwurmpopulationen von Untersuchungsstandorten der Küste ( $n = 3$ ), der Binnendüne ( $n = 2$ ), von Truppenübungsplätzen ( $n = 4$ ) und Bergbaufolgelandschaften ( $n = 11$ ) wurden verglichen, Küste ist signifikant verschieden von TUP (post-hoc-Test,  $p = 0,003$ ) und BFL (post-hoc-Test,  $p = 0,001$ ).

Mittels eines nicht-parametrischen Mann-Whitney-U-Testes konnte nachgewiesen werden, dass sich die Allelanzahlen in den Sandohrwurmpopulationen der jungen Bergbaufolgelandschaftsflächen (Standorte Schlabendorf Süd, 17 Jahre) von den älteren Bergbaufolgelandschaftsflächen (Schlabendorf Nord, 30 Jahre und Plessa, 59 Jahre) nicht signifikant unterscheiden ( $p = 0,302$ ). Auch die Gen-Diversitäten ( $H_e$ ) der untersuchten Sandohrwurmpopulationen wiesen keine signifikanten Unterschiede zwischen jungen Bergbaufolgelandschaftsflächen und alten Bergbaufolgelandschaftsflächen ( $p = 0,414$ ) und zwischen jungen Flächen (junge Bergbaufolgelandschaftsflächen) und alten Flächen (alte Bergbaufolgelandschaftsflächen und Truppenübungsplätze) ( $p = 0,355$ ) auf. Bei Vergleichen der ermittelten Allelanzahlen der *Labidura riparia*-Populationen konnte zwischen jungen Flächen (junge BFL) und alten Flächen (alte BFL und TUP) keine Unterschiede festgestellt werden ( $p = 0,382$ ).

Ein Einfluss des Flächenalters der Untersuchungsstandorte auf die Gen-Diversität und auf die Anzahl der Allele der untersuchten Sandohrwurmpopulationen war nicht nachzuweisen.

### 3.2.2.2 Populationsdifferenzierung und räumliche Populationsstruktur

Eine Analyse der molekularen Varianz (AMOVA) zeigte eine genetische Differenzierung der Sandohrwurmpopulationen (Tabelle 23) auf. Zwischen den Populationen betrug die genetische Variation 7,9%. Mehr als 90% der genetischen Variationen trat jedoch innerhalb der untersuchten *Labidura riparia*-Populationen auf. Im Gegensatz zur Untersuchung an *Calathus erratus* waren die genetischen Distanzen zwischen den Sandohrwurmpopulationen mit einem Wert von  $F_{st}$ -Wert von 0,079 deutlich ausgeprägter. Es bestehen signifikante genetische Unterschiede zwischen den Populationen (siehe dazu Tabelle 30 im Anhang).

Ein genetischer Austausch zwischen den untersuchten Sandohrwurmpopulationen ist somit vorhanden.

Tabelle 23: Analyse der molekularen Varianz (AMOVA) der *Labidura*-Populationen ohne Auftrennung in primäre und sekundäre Habitate, 9 polymorphe Mikrosatelliten, 539 Individuen, 21 Untersuchungsstandorte, \* - signifikante Unterschiede.

Genetische Variation	d.f.	Summe der Quadrate	Varianzanteile	Prozentuale Variation
Zwischen den Populationen	20	295,98	0,236	7,90* ( $p < 0,001$ )
Innerhalb der Populationen	1057	2901,29	2,745	92,10* ( $p < 0,001$ )
Insgesamt	1077	3197,27	2,980	
Fixation Index	$F_{st}$ : 0,079			

Weiterhin wurden Analysen der molekularen Varianz für verschiedene Gruppierungen der Sandohrwurmpopulationen durchgeführt (siehe Tabelle 24). Wenn die Standorte der Küste gegen die Binnenpopulationen getestet wurden, ergaben sich signifikante genetische Unterschiede zwischen diesen Gruppen (Tabelle 24-1). Nur eine sehr geringe, aber signifikante Differenzierung trat ebenfalls zwischen Populationen der Primärstandorte (Küste und Binnendüne) und den Populationen der anthropogen beeinflussten Sekundärhabitate (BFL+TÜP, Tabelle 24-2) auf. Keine genetische Differenzierung lag zwischen Populationen der Bergbaufolgelandschaft und der Truppenübungsplätze (Tabelle 24-4), und zwischen Populationen der jungen und der älteren Bergbaufolgelandschaft vor (Tabelle 24-5).

Sukzessionstyp (Primärsukzession- Bergbaufolgelandschaften, Sekundärsukzession- Truppenübungsplätze) und Alter der Bergbaufolgelandschaft nach Verkipfung sind für die Erklärung der genetischen Variabilität innerhalb und zwischen den untersuchten Sandohrwurmpopulationen nur von untergeordneter Bedeutung. Die Sandohrwurmpopulationen der Küstenstandorte und der Primärhabitate unterschieden sich signifikant von den übrigen Standorten.

Tabelle 24: Hierarchische Analyse der molekularen Varianz (AMOVA) der *Labidura*-Populationen verschiedener Gruppierung, \* - signifikanten Unterschiede.

Gruppen	% Variation zwischen den Gruppen	% Variation innerhalb der Gruppen	Innerhalb der Populationen	Genetische Distanz (Fst)
1. Küste vs. Binnenstandorte	6,58* (p<0,00)	5,55* (p<0,00)	87,87* (p<0,00)	0,121
2. Primär- vs. Sekundärstandorte	1,45* (p<0,04)	7,27* (p<0,00)	91,29* (p<0,00)	0,087
3. Alle BFL vs. TÜP	0,06 ns.	4,05* (p<0,00)	96,01* (p<0,00)	0,039
4. BFL (Schlabendorf) vs. TÜP	0,01 ns.	3,86* (p<0,00)	96,13* (p<0,00)	0,038
5. junge BFL vs. alte BFL	1,02 ns.	3,90* (p<0,00)	95,08* (p<0,00)	0,049

Analysierte Populationen:

1. Küste: Hid, Hid+, Alt vs. Binnenstandorte: L, Nord, PleO, PleU, CB, Dorf, cP, SN, SO, SS, SW, DöS, DöW, Lieb, Lieb+, Dü, Dü+;
2. Primärstandorte: Hid, Hid+, Alt, Dü, Dü+ vs. Sekundärstandorte: L, Nord, PleO, PleU, CB, Dorf, cP, SN, SO, SS, SW, DöS, DöW, Lieb, Lieb+;
3. BFL: L, Nord, PleO, PleU, CB, Dorf, cP, SN, SO, SS, SW vs. TÜP: DöS, DöW, Lieb, Lieb+;
4. BFL (Schlabendorf): Dorf, cP, SN, SO, SS, SW vs. TÜP: DöS, DöW, Lieb, Lieb+;
5. junge Bergbaufolgelandschaft bis 17 Jahre nach Verkipfung: cP, SN, SO, SS, SW vs. alte Bergbaufolgelandschaft (>30 Jahre nach Verkipfung): Nord, PleO, PleU;

Die räumliche genetische Struktur der untersuchten Sandohrwurmpopulationen der Untersuchungsstandorte wurde mit Korrelogrammen des Moran's I vs. geographische Distanz über verschiedenen Distanzklassen analysiert. Mit Hilfe der Autokorrelationsanalyse (500 Permutationen, Abbildung 34) wurde gezeigt, dass für die Sandohrwurmpopulationen eine räumliche genetische Populationsstruktur nachweisbar ist. Im Nahbereich (bis ca. 20 km) wurde eine positive räumliche Autokorrelation zwischen der genetischen Ähnlichkeit der Tiere und der geographischen Distanz zwischen den Populationen gezeigt. Bei größeren geographischen Entfernungen nahm das Moran's I stetig ab. Bei kurzen geographischen Entfernungen zwischen den Untersuchungsstandorten war ein Nachbarschaftseffekt nachweisbar. Werden die geographischen Entfernungen größer, trat eine negative genetische Autokorrelation auf, die auf den Einfluss anderer Genotypen (bei 100 km signifikant anderer Genotypen) aus den Küstenpopulationen zurückzuführen sein kann.

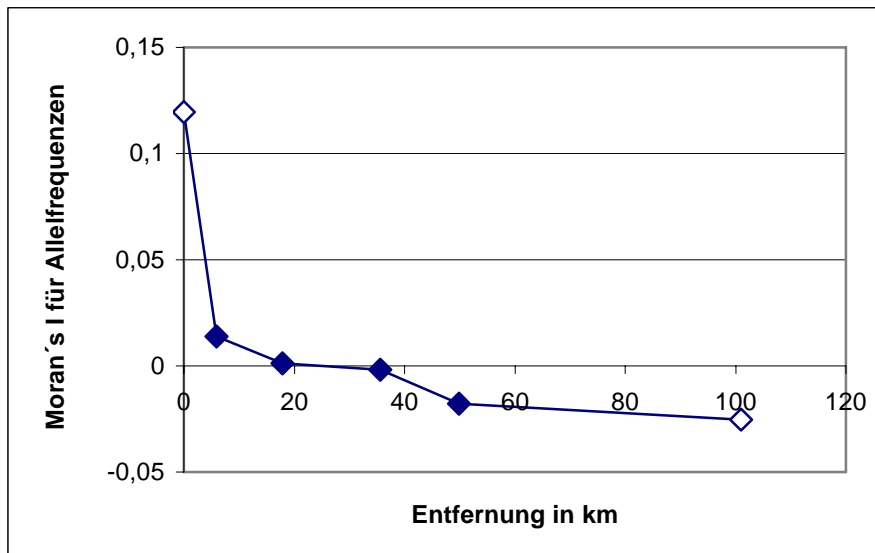


Abbildung 34: Räumliche genetische Autokorrelation der *Labidura riparia*-Populationen, basierend auf Mikro-satelliten-Daten, gefüllte Karos: nicht signifikant, ungefüllte Karos: signifikant.

Ein Mantel-Test erbrachte eine signifikante Korrelation ( $p = 0,001$ ) zwischen geographischer Entfernung der Untersuchungsstandorte und der genetischen Distanz der Sandohrwurmpopulationen. Betrachtet man die genetischen Distanzen der Populationen mit Werten zwischen 0,00 und 0,30 und stellt diese den geographischen Entfernungen zwischen den Untersuchungsstandorten gegenüber (Abbildung 35), so wird ein Anstieg der genetischen Distanz mit Zunahme der geographischen Entfernung deutlich. Näher beieinander liegende Populationen waren sich genetisch ähnlicher, als geographisch weiter entfernte und damit mehr isolierte *Labidura*-Populationen. Besonders zwischen weit auseinander liegenden Populationen mit Entfernungen bis zu 300 km treten Einschränkungen im Genfluss zwischen den einzelnen Populationen auf.

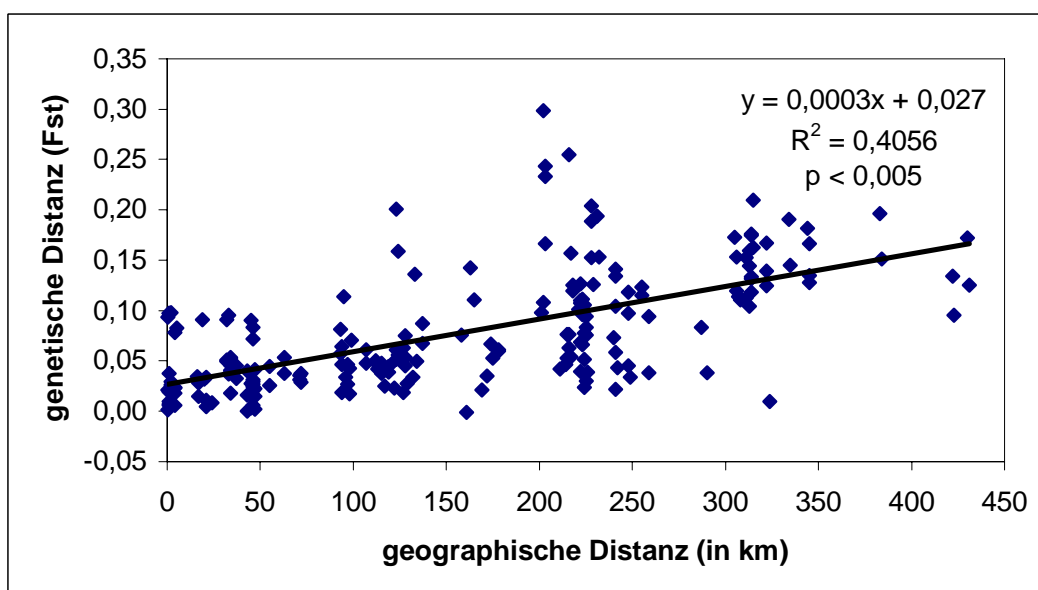


Abbildung 35: Paarweise genetische Distanzen ( $F_{st}$ ) der untersuchten *Labidura riparia*-Populationen als Funktion der geographischen Distanzen.

### 3.2.2.3 Analyse der Allelverteilung in den Populationen

Betrachtet man die Verteilung der Allele der einzelnen Mikrosatelliten-Loci in den Sandohrwurmpopulationen der zu Habitattypen zusammengefassten Untersuchungsstandorte (Tabelle 25), so wird deutlich, dass ca. ein Drittel der gefundenen Allele (33 von 102) in allen Populationen der vier Habitattypen Küste, Binnendüne, Truppenübungsplätze und Bergbaufolgelandschaften auftraten.

Die meisten Privatallele, d.h. Allele, die nur in Sandohrwurmpopulationen eines Habitattyps auftreten, kamen in den Populationen der Bergbaufolgelandschaft vor. Für den Küstenbereich, die Binnendüne und die Truppenübungsplätze wurden bei *Labidura riparia* nur wenige Privatallele nachgewiesen. Auffällig war dagegen das Fehlen bestimmter Allele in den Populationen von Düne (18 Allele) und Küste (8 Allele). Dieses Resultat könnte auf die Anzahl der untersuchten Populationen und die Anzahl der analysierten Individuen pro Habitattyp zurückgeführt werden. Es wurden 295 Individuen von Untersuchungsstandorten aus der Bergbaufolgelandschaft, 96 von Truppenübungsplätzen, 94 Individuen von der Küste und 47 Tiere von der Binnendüne analysiert.

*Tabelle 25: Übersicht über die Verteilung der Allele der 9 untersuchten Mikrosatelliten in den Sandohrwurmpopulationen der Untersuchungsstandorte mit den Habitattypen: Küste (n = 3), Binnendüne (n = 2), Truppenübungsplätze (n = 4) und Bergbaufolgelandschaften (n = 11), Privatallel: Allel kam nur bei Individuen des jeweiligen Habitattyps vor, fehlendes Allel: Allel trat bei Individuen in allen andern Habitattypen auf, aber nicht bei dem genannten Habitattyp.*

Bezeichnung Allele	Anzahl Allele
<b>Allele insgesamt</b>	102
<b>Allel überall vorhanden</b>	33
<b>Privatallel Düne</b>	3
<b>Privatallel Küste</b>	3
<b>Privatallel TÜP</b>	2
<b>Privatallel BFL</b>	19
<b>Fehlendes Allel Küste</b>	8
<b>Fehlendes Allel Düne</b>	18
<b>Fehlendes Allel TÜP</b>	1

In der folgenden Abbildung 36 a-c wurden die Allelverteilung der Mikrosatellitenloci für die Habitattypen Hiddensee, Küste (Altwarp), Binnendüne, Bergbaufolgelandschaften, Truppenübungsplätze und Kalihalde für alle verwendeten 9 Mikrosatellitenloci (vergleiche Tabelle 12) graphisch dargestellt.

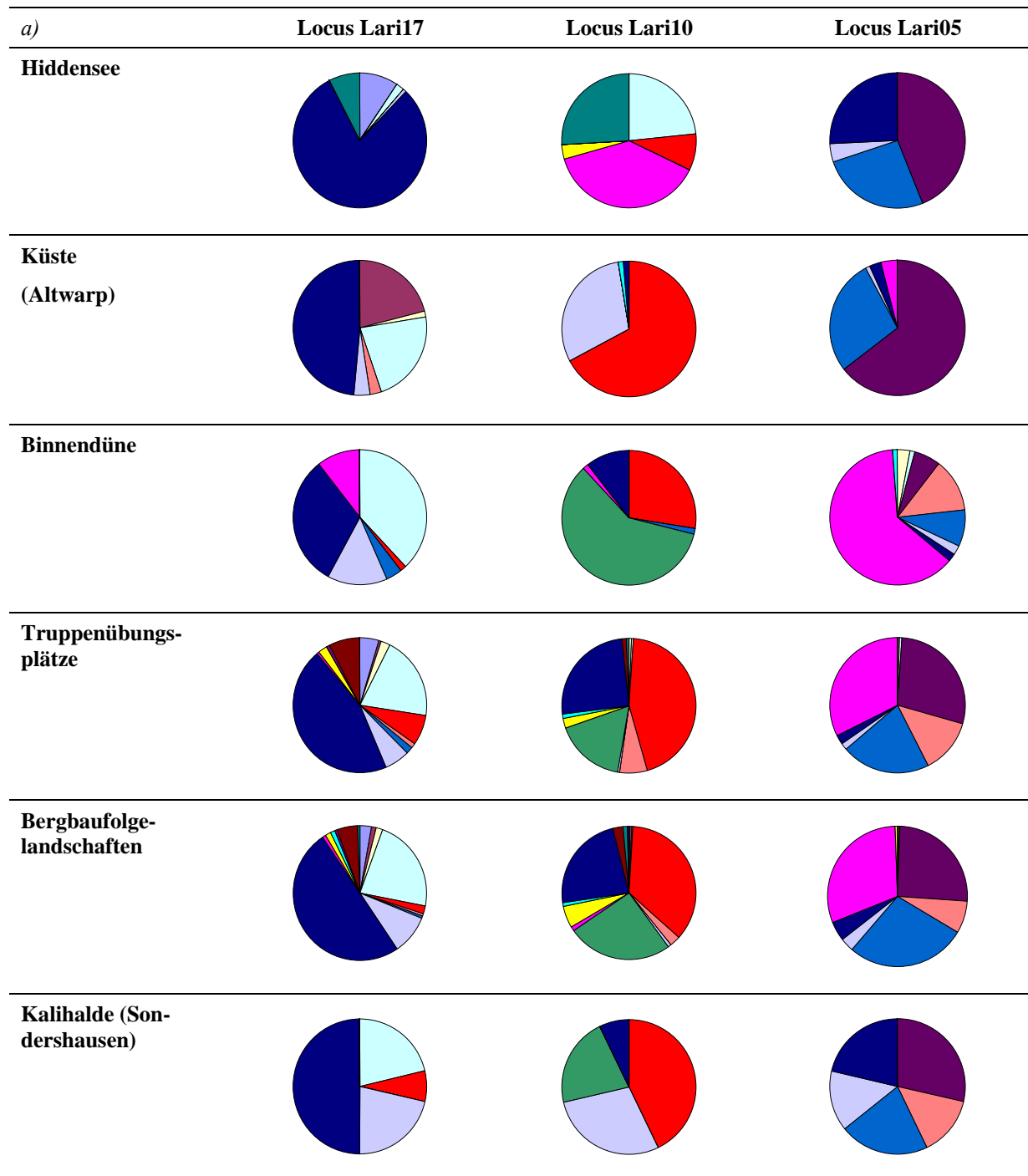
Die Sandohrwurmpopulationen von Hiddensee wiesen weniger Allele auf, als z.B. die Populationen von Truppenübungsplätzen oder Bergbaufolgelandschaften. Besonders bei der Betrachtung der Allelverteilung des Mikrosatellitenlocus „Lari10“ wurde deutlich, dass auf Hiddensee und im Küstenbereich Allele in dominanten Anteilen in den Populationen zu finden waren, die im Bereich der Binnendüne und weiter südlich in den Bergbaufolgelandschafts-



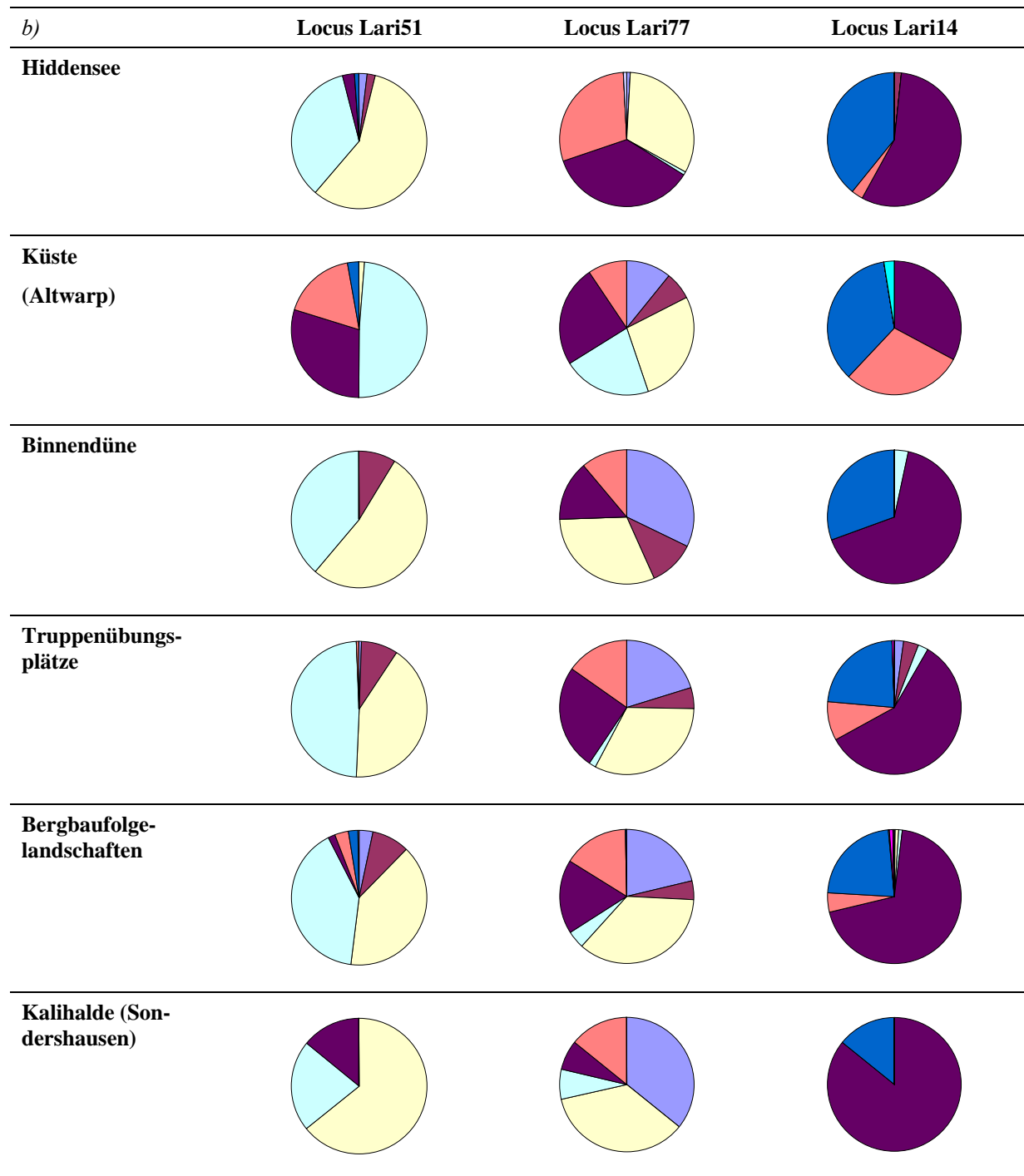
und Truppenübungsplatzpopulationen nicht auftraten (z.B. Allele 178 und 206 auf Hiddensee, Allele 202 und 190 im Bereich der Düne, TÜP und BFL).

Auch der Mikrosatellitenlocus „Lari77“ wies charakteristische Merkmale auf: das Allel 102 war nicht auf Hiddensee, dafür aber in allen Festlandpopulationen (außer der Kalihalde) nachweisbar. Das Allel 106 war in den Sandohrwurmpopulationen von Hiddensee und Altwarp, sowie in den Festlandpopulationen von Bergbaufolgelandschaften und Truppenübungsplätzen vorhanden. Es fehlt im Bereich der Binnendüne.

Die Küstenpopulationen des Sandohrwurmes (besonders Hiddensee) sind stark von den übrigen Sandohrwurmpopulationen des Festlandes (Binnendüne, Truppenübungsplätze, Bergbaufolgelandschaften, Kalihalde) isoliert. Ein Austausch von genetischem Material ist aber möglich.



<b>Locus Lari17</b>	<div>Lari17 112</div> <div>Lari17 114</div> <div>Lari17 116</div> <div>Lari17 118</div> <div>Lari17 120</div> <div>Lari17 122</div> <div>Lari17 124</div> <div>Lari17 126</div> <div>Lari17 128</div> <div>Lari17 130</div> <div>Lari17 132</div> <div>Lari17 134</div> <div>Lari17 138</div> <div>Lari17 140</div> <div>Lari17 144</div>
<b>Locus Lari10</b>	<div>Lari10 170</div> <div>Lari10 172</div> <div>Lari10 176</div> <div>Lari10 178</div> <div>Lari10 180</div> <div>Lari10 182</div> <div>Lari10 186</div> <div>Lari10 188</div> <div>Lari10 190</div> <div>Lari10 192</div> <div>Lari10 194</div> <div>Lari10 200</div> <div>Lari10 202</div> <div>Lari10 204</div> <div>Lari10 206</div> <div>Lari10 214</div>
<b>Locus Lari05</b>	<div>Lari05 112</div> <div>Lari05 116</div> <div>Lari05 118</div> <div>Lari05 120</div> <div>Lari05 122</div> <div>Lari05 124</div> <div>Lari05 126</div> <div>Lari05 128</div> <div>Lari05 130</div> <div>Lari05 132</div> <div>Lari05 134</div> <div>Lari05 138</div>



<b>Locus Lari51</b>	<div>Lari51 169</div> <div>Lari51 171</div> <div>Lari51 173</div> <div>Lari51 175</div> <div>Lari51 177</div> <div>Lari51 179</div> <div>Lari51 181</div> <div>Lari51 183</div>
<b>Locus Lari77</b>	<div>Lari77 100</div> <div>Lari77 102</div> <div>Lari77 104</div> <div>Lari77 106</div> <div>Lari77 108</div> <div>Lari77 110</div> <div>Lari77 112</div> <div>Lari77 114</div>
<b>Locus Lari14</b>	<div>Lari14 113</div> <div>Lari14 115</div> <div>Lari14 117</div> <div>Lari14 121</div> <div>Lari14 123</div> <div>Lari14 125</div> <div>Lari14 127</div> <div>Lari14 129</div> <div>Lari14 133</div> <div>Lari14 137</div> <div>Lari14 141</div> <div>Lari14 143</div> <div>Lari14 145</div>

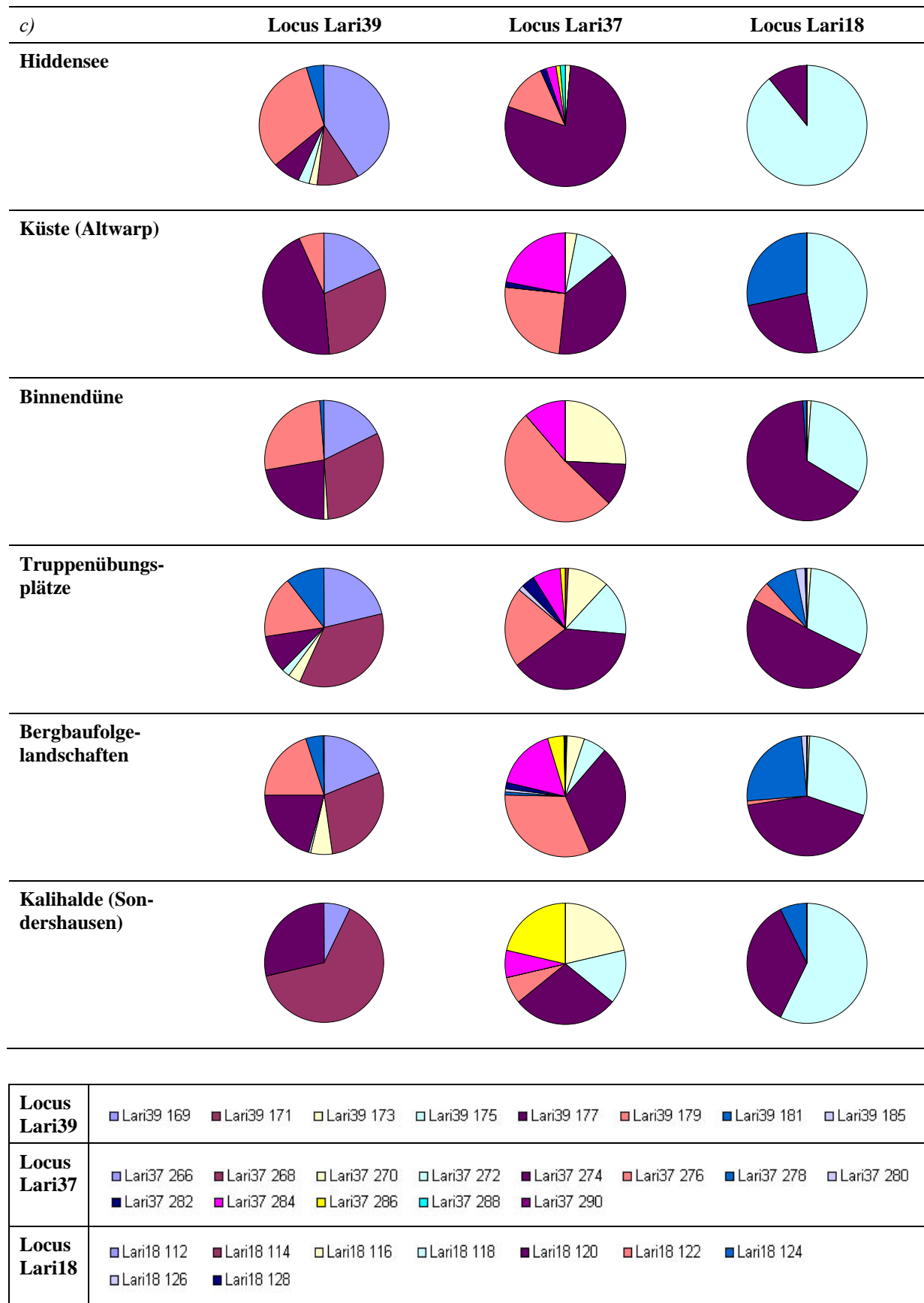


Abbildung 36: Allelverteilung der Mikrosatellitenloci Lari17, Lari 10, Lari 05 (a), Lari 51, Lari 77, Lari14 (b) und Lari 39, Lari 37, Lari 18 (c) in den Sandohrwurmpopulationen der Untersuchungsstandorte mit den Habitattypen Hiddensee (n = 2), Küste (n = 3), Binnendüne (n = 2), Truppenübungsplätze (TÜP, n = 4) und Bergbaufolgelandschaften (BFL, n = 11). In den Legenden sind die Basenpaarlängen der Allele angegeben.

### 3.2.2.4 Distanzbasierte Analyse - Dendrogramm

In Abbildung 37 wird ein Dendrogramm einer UPGMA (unweighted pair-group method) Clusteranalyse der genetischen Distanzen der Sandohrwurmpopulationen gezeigt. Besonders die Sandohrwurmpopulationen der Küste (blau) unterschieden sich von den Populationen der anderen Untersuchungsstandorte. Die *Labidura riparia*-Populationen der Untersuchungsstandorte auf der Insel Hiddensee (Hid, Hid+) wurden als Gruppe von den anderen Untersuchungsstandorten getrennt und diesen gegenübergestellt. Die Sandohrwurmpopulationen der Bergbaufolgelandschaften (braun) und der Truppenübungsplätze (grün) wurden mit den Populationen der Binnendüne (gelb) zusammen gruppiert.

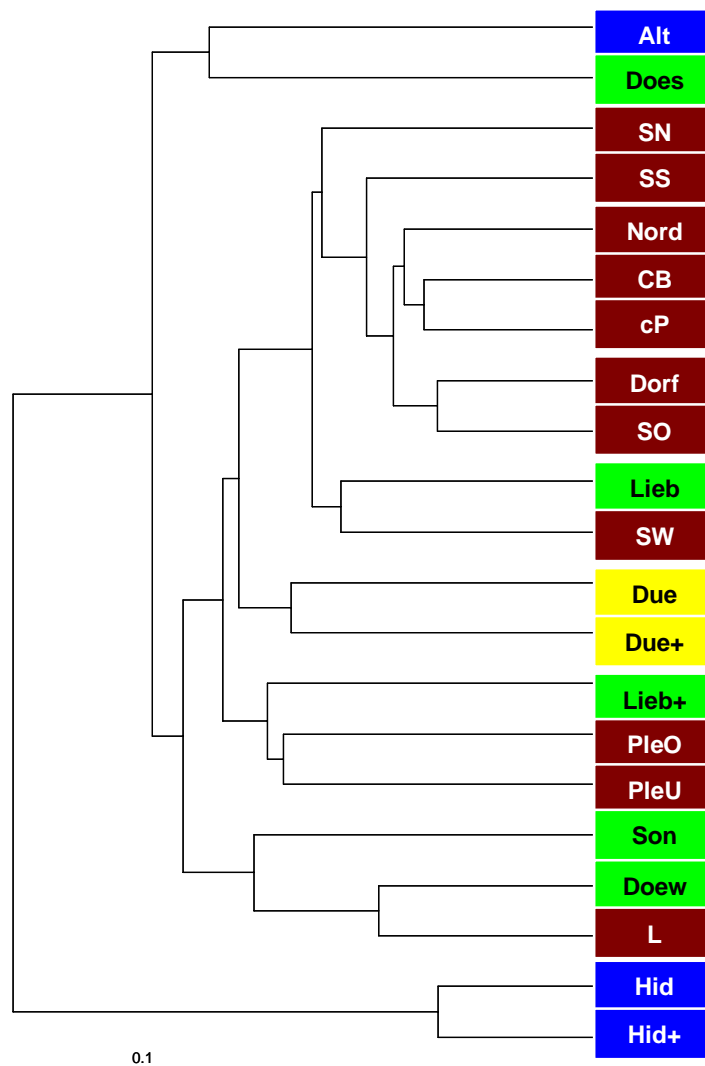


Abbildung 37: UPGMA-Dendrogramm der genetischen Distanzen (DPS, proportion of shared alleles) der Untersuchungsstandorte der 21 *Labidura riparia*-Populationen. Die untersuchten Sandohrwurmpopulationen der Küste sind blau, der Binnendüne gelb, der Truppenübungsplätze grün und der Bergbaufolgelandschaften braun markiert.

Es wurden nur geringe genetische Unterschiede zwischen den Sandohrwurmpopulationen der anthropogen beeinflussten Sekundärhabitats, wie Truppenübungsplätze und Bergbaufolge-

landschaften festgestellt. Die Küstenpopulationen Hid, Hid+ und Alt unterscheiden sich stärker von den Festlandpopulationen.

Ein Vergleich des Dendrogramms mit dem UPGMA-Consensus-Cluster (Abbildung 38) mit 100 Permutationen bestätigte die Abtrennung der Sandohrpopulationen der Standorte Hiddensee (Hid, Hid+, blau). Nun wurden auch die *Labidura riparia*-Populationen der Küste (blau) und der Binnendüne (gelb) von den Populationen der Bergbaufolgelandschaften und der Truppenübungsplätze getrennt. In 100% der Durchläufe wurden die Populationen aus Hiddensee, zuerst von den anderen Populationen abgetrennt. In 59% der Durchläufe folgte nach der Abtrennung von Altwarp (Alt) eine Abspaltung der Sandohrwurmpopulationen von der Binnendüne (Due, Due+). Diese Populationen unterschieden sich stärker von den Sandohrwurmpopulationen der Bergbaufolgelandschaften und Truppenübungsplätze, welche geringe genetische Distanzen zwischen den Populationen aufwiesen.

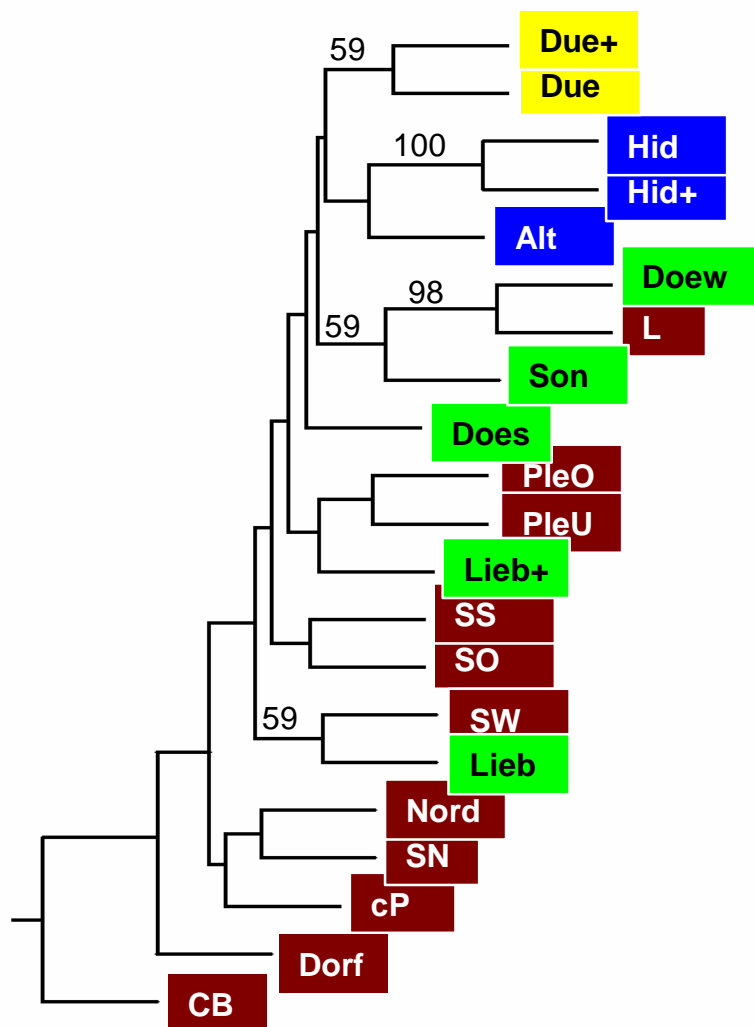


Abbildung 38: Dendrogramm eines UPGMA Consensus-Clusters der genetischen Distanzen (DPS, proportion of shared alleles, 100 Permutationen) der Untersuchungsstandorte. Die untersuchten Sandohrwurmpopulationen der Küste sind blau, der Binnendüne gelb, der Truppenübungsplätze grün und der Bergbaufolgelandschaften braun markiert.

### 3.2.2.5 Individuenbasierte Clustermethode - bayesischer Ansatz

Zur Ermittlung des Grades der Populationsdifferenzierung wurden bayesische Clustermethoden mit individuenbasiertem Ansatz genutzt. Die Zuordnung der Individuen zu den Clustern erfolgte ohne Herkunftsbezug. Die Analyse der optimalen Clusteranzahl ( $K$ ) ergab für 21 untersuchte Sandohrwurmpopulationen ein  $K$  von zwei (Abbildung 39), d.h. die *Labidura riparia*-Individuen wurden zwei Clustern zugeordnet.

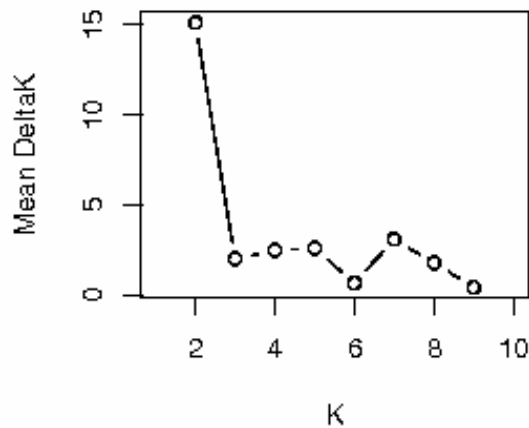


Abbildung 39: Feststellung der Gruppenanzahl (Anzahl der optimalen Cluster  $K$ ) für 539 *Labidura riparia*-Individuen von 21 Untersuchungsstandorten.  $\Delta K$  wird als Funktion von  $K$  nach Evanno et al. (2005) ermittelt,  $K = 2$ .

In Abbildung 40 wurden alle untersuchten Sandohrwurmindividuen in geographischer Abfolge der Untersuchungsstandorte von Norden nach Süden aufgetragen. Jedes Individuum wurde durch eine Säule dargestellt, die aus zwei Farben ( $K = 2$ : rot und grün) besteht. Die Farbenzuordnung spiegelt die Genotypzuweisung zum jeweiligen Cluster wider. Die Individuen der Sandohrwurmpopulationen der Küstenstandorte (Hiddensee und Altwarp) zeigten sich überwiegend in grün (Abbildung 40 zur senkrechten schwarzen Markierung). Bei den *Labidura riparia*-Individuen der anderen Untersuchungsstandorte dominierte rot- der zweite Genotyp. Einflüsse des ersten Genotyps (grün) waren jedoch vorhanden.

Ein genetischer Austausch zwischen den Sandohrwurmpopulationen des Festlandes (Populationen der Truppenübungsplätze, Bergbaufolgelandschaften, der Binnendüne und der Kalihalde) war vorhanden. Ein Austausch von genetischem Material zwischen Festlandspopulationen und Küstenpopulationen von *Labidura riparia* einschließlich der Insel Hiddensee fand ebenfalls, in geringerem Maße, statt.



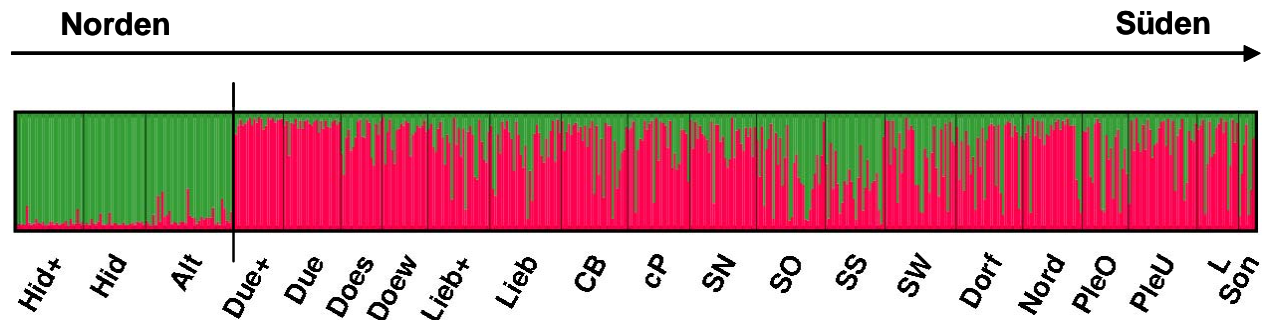


Abbildung 40: Bayesisches-Dendrogramm (Distruct-Plot, Rosenberg 2004) für 539 untersuchte *Labidura riparia*-Individuen von 21 Untersuchungsstandorten aus Deutschland. Jede Säule korrespondiert mit einem Individuum und wurde mit zwei Farben ( $K = 2$ : rot und grün) dargestellt. Die Farbenverteilung spiegelt die Genotyp-zuweisung wider. Die schwarzen Balken grenzen die einzelnen Sandohrwurmpopulationen der Untersuchungsstandorte, die in geographischer Abfolge von Norden (links) nach Süden (rechts) aufgetragen sind, voneinander ab.

### 3.2.3 Übrige Sandohrwurmpopulationen

Für Vergleichszwecke erfolgte die Einbeziehung von Sandohrwürmern aus anderen Ländern. Es wurden Exemplare des Kosmopoliten *Labidura riparia* aus Frankreich (26 Individuen), Gran Canaria (5 Individuen), von zwei Standorten aus Japan (27 Individuen und 28 Individuen) und dem Sudan (10 Individuen) in die Untersuchung einbezogen (Tabelle 11). Dabei zeigte es sich, dass bei den Sandohrwurmpopulationen im geographisch nahe gelegenen Frankreich, die für die deutschen *Labidura riparia*-Populationen entwickelten Mikrosatelliten-Loci zum Teil keine Polymorphismen aufweisen, bzw. nicht vorhanden waren. Die analysierten Tiere aus Gran Canaria, Japan und dem Sudan wiesen Loci mit sehr vielen Nullallelen und nicht polymorphe Loci auf. (siehe Tabelle 26).

Tabelle 26: Übersicht über den Größenbereich und die Anzahl der Allele der 9 Mikrosatelliten-Loci für fünf ausländische *Labidura riparia*-Populationen (davon zwei aus Japan), <sup>a</sup> - Locus ist nicht polymorph, <sup>b</sup> - Locus weist viele Nullallele auf, <sup>c</sup> - Locus war nicht vorhanden.

Locus	Frankreich		Gran Canaria		Japan (zwei Populationen)		Sudan	
	Größenbereich (Bp)	Anzahl Allele	Größenbereich (Bp)	Anzahl Allele	Größenbereich (Bp)	Anzahl Allele	Größenbereich (Bp)	Anzahl Allele
Lari77	0	0 <sup>c</sup>	92-110	4	0	0 <sup>c</sup>	96-112	8
Lari10	180	1 <sup>a</sup>	176-186	4	180	1 <sup>a</sup>	0	0 <sup>c</sup>
Lari18	108-120	7	102-124	6	108	1 <sup>a</sup>	102-126	11
Lari51	0	0 <sup>c</sup>	149-155	3	0	0 <sup>c</sup>	143-161	6 <sup>b</sup>
Lari17	114-128	5	112-126	5	114-128	5	118-150	4 <sup>b</sup>
Lari05	112-132	4	116-130	3 <sup>b</sup>	118-132	6	112-114	2
Lari14	103-137	9	107-137	6	101-125	6	98	1 <sup>a</sup>
Lari39b	169-173	3	167-195	7	165-181	6	143-153	5
Lari37b	266-284	4	264-272	4	272-276	3	270-276	5

### 3.2.3.1 Gen-Diversität, Bandenanzahl und genetische Distanz

Die meisten der untersuchten ausländischen Sandohrwurmpopulationen befanden sich nicht im Hardy-Weinberg-Gleichgewicht (Tabelle 27). Für den Vergleich der Allelzahl und der Gen-Diversität ( $H_e$ ) wurden vier in allen ausländischen Sandohrwurmpopulationen polymorph auftretende Mikrosatelliten-Loci (Lari 05, Lari 17, Lari 37b, Lari 39b) analysiert.

Tabelle 27: Übersicht über die Fixation-Index ( $F_{is}$ )-Werte (fette Schrift: Population im Hardy-Weinberg-Gleichgewicht), die erwartete Heterozygotie ( $H_e$ -Gen-Diversität), die beobachtete Heterozygotie ( $H_o$ ) und die mittlere Allelzahl der untersuchten ausländischen *Labidura riparia*-Populationen. In die Analyse gingen nur die vier Mikrosatelliten-Loci ein, die für alle Populationen polymorph waren.

Fläche	Individuenanzahl	$F_{is}$	p-Wert	$H_e$ 4 Mikro- satelliten	$H_o$ 4 Mikro- satelliten	mittlere Allel- anzahl 4 Mikro- satelliten
<b>Frankreich</b>						
<b>Fr</b>	26	-0,055	0,840	0,484	0,564	4,00
<b>Sudan</b>						
<b>Sud</b>	10	<b>0,266</b>	0,001	0,584	0,512	4,00
<b>Gran Canaria</b>						
<b>Gran Can</b>	5	0,086	0,139	0,833	0,700	5,00
<b>Japan</b>						
<b>Jap</b>	28	-0,017	0,604	0,619	0,630	5,00
<b>Jap+</b>	27	-0,088	0,923	0,632	0,697	4,00
<b>Deutschland</b>	539					
<b>Deutschland Mittelwert</b>		-	-	0,693	0,579	5,94

Die Anzahl der Allele waren in allen *Labidura riparia*-Populationen mit 4-5 Allelen pro Locus ähnlich hoch (Abbildung 41).

Die Gen-Diversitäten der untersuchten Sandohrwurmpopulationen der übrigen Länder variierten stärker (Abbildung 42). In der französischen Population war die Diversität besonders gering, während die Tiere aus Gran Canaria eine hohe genetische Diversität aufwiesen. Die Sandohrwürmer aus Japan und dem Sudan nahmen mittlere Werte ein. Durch die geringe Anzahl untersuchter Populationen können die Allelzahlen und die Gen-Diversitäten der ausländischen Sandohrwurmpopulationen (5 Populationen) nur bedingt mit den Werten der deutschen Populationen verglichen werden.

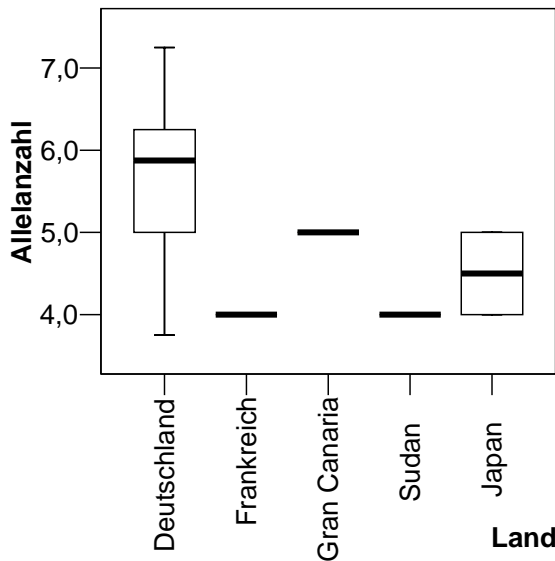


Abbildung 41: Mittlere Allelanzahlen verschiedener *Labidura riparia*-Populationen ermittelt an vier polymorphen Mikrosatelliten-Loci : Frankreich ( $n = 1$ ), Sudan ( $n = 1$ ), Gran Canaria ( $n = 1$ ), Japan ( $n = 2$ ) und Deutschland ( $n = 21$ ).

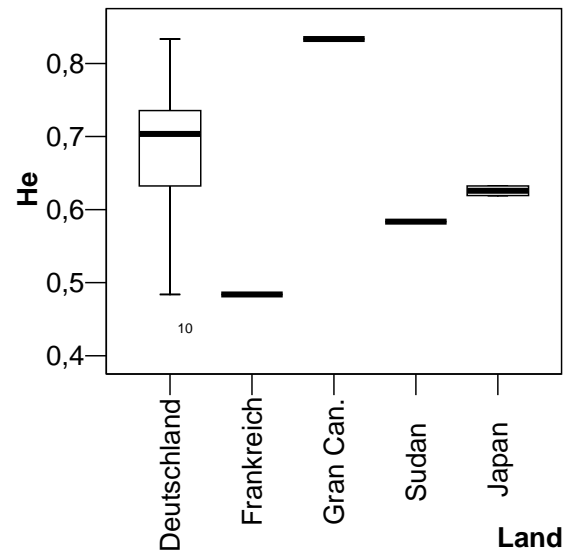


Abbildung 42: Gen-Diversität ( $H_e$ ) verschiedener *Labidura riparia*-Populationen ermittelt an vier polymorphen Mikrosatelliten-Loci: Frankreich ( $n = 1$ ), Sudan ( $n = 1$ ), Gran Canaria ( $n = 1$ ), Japan ( $n = 2$ ) und Deutschland ( $n = 21$ ).

### 3.2.3.2 Populationsdifferenzierung und räumliche Populationsstruktur

Wurden die untersuchten Sandohrwurmpopulationen aus Deutschland in einer AMOVA den Tieren aus dem Ausland gegenübergestellt, zeigten sich signifikante Unterschiede zwischen den Sandohrwurmpopulationen der beiden Gruppen (Tabelle 28). Ein großer Anteil der genetischen Variationen trat weiterhin innerhalb der *Labidura riparia*-Populationen auf. Die genetische Distanz ( $F_{st} = 0,16$ ) zwischen den *Labidura riparia*-Populationen der verschiedenen Länder war aufgrund der großen geographischen Entfernungen von mehreren tausend Kilometern größer als zwischen den deutschen Populationen.

Die Sandohrwurmpopulationen der einzelnen Länder wiesen eine stärkere genetische Differenzierung als die Sandohrwurmpopulationen aus Deutschland auf.

Tabelle 28: Analyse der molekularen Varianz (AMOVA) der deutschen und ausländischen *Labidura*-Populationen, vier Mikrosatelliten, 635 Individuen, 26 Untersuchungsstandorte, Gruppen: deutsche Sandohrwurmpopulationen vs. Populationen aus Japan, Frankreich, Gran Canaria, Sudan, \* -signifikante Unterschiede.

Genetische Variation	d.f.	Summe der Quadrate	Varianzbestandteile	Prozentuale Variation
Zwischen den Populationen der Länder	4	100,83	0,242	15,66* (p<0,00)
Zwischen den Populationen innerhalb der Länder	21	125,75	0,093	6,01* (p<0,00)
Innerhalb der Länder	1244	1508,30	1,212	78,33* (p<0,00)
Insgesamt	1269	1734,88	1,548	
Fixation Index	$F_{st}$ : 0,16			

### 3.2.3.3 Distanzbasierte Analyse der Allelverteilung - Dendrogramm

Das Dendrogramm einer UPGMA (unweighted pair-group method) Clusteranalyse der genetischen Distanzen der 26 untersuchten Sandohrwurmpopulationen aus fünf Ländern gruppier- te die Sandohrwurmpopulationen nach ihren Herkunftsländern. Die *Labidura riparia*- Populationen der übrigen Länder wurden den deutschen Populationen gegenübergestellt. Alle Sandohrwurmpopulationen aus Deutschland waren zusammen gruppiert. Individuen aus Gran Canaria und dem Sudan wurden als genetisch ähnlicher dargestellt. Ebenso die Sandohrwür- mer aus Frankreich und aus Japan.

Bei dieser Analyse ist zu beachten, dass aus Gran Canaria (fünf Individuen) und dem Sudan (zehn Individuen) sehr wenige Tiere in die Untersuchung einbezogen werden konnten, so dass weiterführende z.B. zoogeographische Aussagen kaum möglich sind.

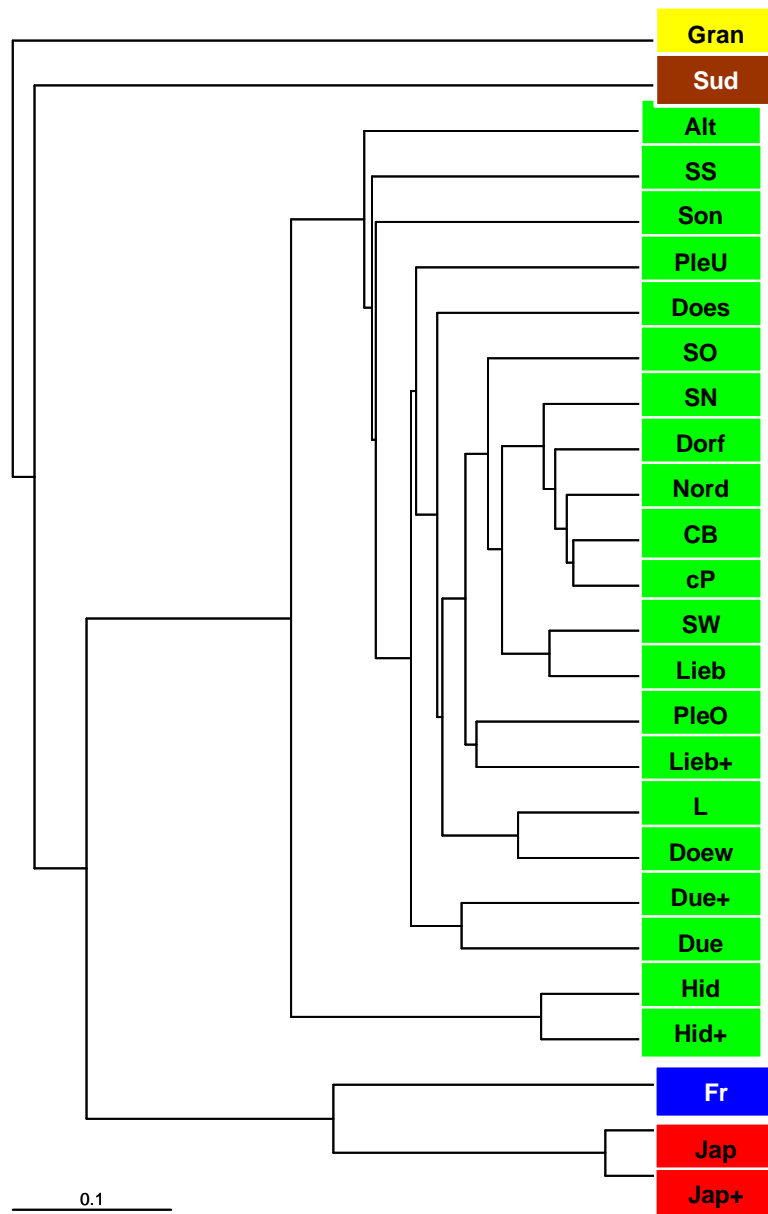


Abbildung 43: UPGMA-Dendrogramm der genetischen Distanzen (DPS, proportion of shared allele) der untersuchten *Labidura riparia*-Populationen von 26 Untersuchungsstandorten aus fünf Ländern. Die untersuchten Sandohrwurmpopulationen aus Deutschland sind grün markiert, Japan rot, Frankreich blau, Gran Canaria gelb und Sudan braun.

### 3.2.3.4 Individuenbasierte Clustermethode - bayesischer Ansatz

Die *Labidura riparia*-Individuen von Populationen aus verschiedenen Teilen der Welt wurden mittels einer bayesischen Clustermethode mit individuenbasiertem Ansatz zur Ermittlung des Grades der Populationsdifferenzierung analysiert. Für diese Untersuchung wurden alle 9 Mikrosatellitenloci in die Untersuchung einbezogen. Loci, die sich in einigen ausländischen Populationen als nicht polymorph erweisen wurden mit einem festen Zahlenwert versehen, um den Locus in die Analyse einbeziehen zu können.

Für die untersuchten 26 Sandohrwurmpopulationen aus aller Welt ergab die Analyse der optimalen Clusteranzahl ( $K$ ) eine Anzahl von zwei Clustern (Abbildung 44).

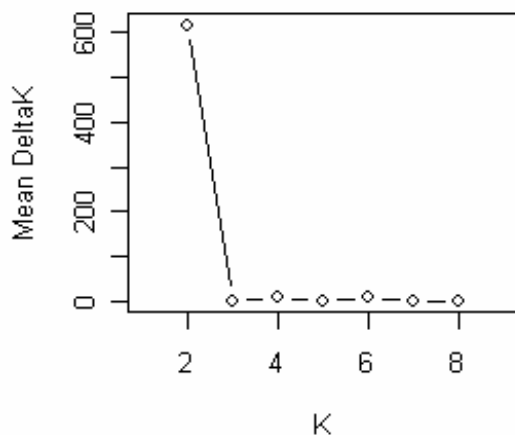


Abbildung 44: Feststellung der Gruppenanzahl (Anzahl der optimalen Cluster  $K$ ) für 635 *Labidura riparia*-Individuen von 26 Untersuchungsstandorten aus fünf Ländern (21 Standorte in Deutschland, 5 Standorte im Ausland).  $\Delta K$  wird als Funktion von  $K$  nach Evanno et al. (2005) ermittelt,  $K = 2$ .

In geographischer Abfolge wurden die untersuchten *Labidura riparia*-Individuen mit den Untersuchungsstandorten von Nordenwesten nach Südosten in einem Distruct-Plot aufgetragen (Abbildung 45). Eine Säule aus zwei Farben ( $K = 2$ : gelb und blau) zusammengesetzt, die für die Genotypenzuordnung stehen, symbolisiert jedes Sandohrwurmindividuum. Individuen der deutschen Sammelstandorte (gelbe Säulen, Abbildung 45 bis zur senkrechten schwarzen Markierung) stellten sich deutlich von den ausländischen *Labidura*-Individuen (blau) getrennt dar. Eine Vermischung der beiden Genotypen bau und gelb in einzelnen Populationen trat kaum auf.

Ein Austausch von genetischem Material zwischen den Populationen der Länder erfolgte in sehr geringem Umfang (gelber Genotyp bei Individuen aus Frankreich und Gran Canaria).

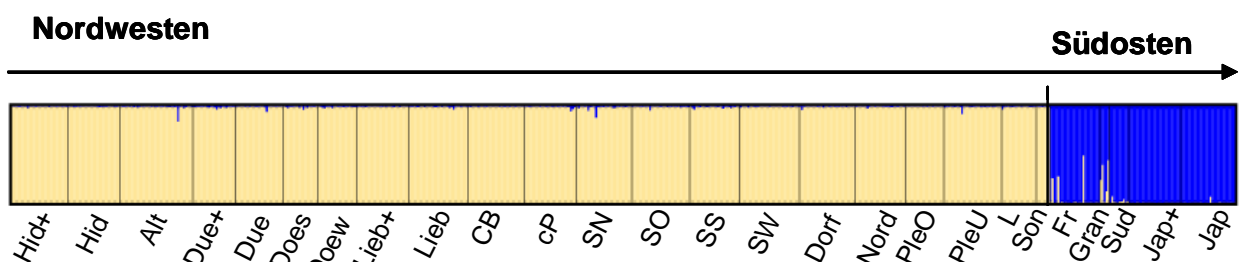


Abbildung 45: Bayesisches Dendrogramm (Distruct-Plot, Rosenberg 2004) für 635 *Labidura riparia*-Individuen von 26 Untersuchungsstandorten aus fünf Ländern. Jede Säule korrespondiert mit einem Individuum und wird mit zwei Farben ( $K=2$ : gelb und blau) dargestellt. Die Farbenverteilung spiegelt die Genotypzuweisung wider. Die schwarzen Balken grenzen die einzelnen Untersuchungsstandorte, die in geographischer Abfolge von Nord-osten beginnend mit den deutschen Standorten (links) nach Südosten mit den ausländischen Standorten (rechts) aufgetragen sind, voneinander ab.

### 3.3 Zusammenfassung der Ergebnisse

#### **Calathus erratus**

Die populationsgenetischen Untersuchungen an 13 Populationen des Laufkäfers *Calathus erratus* von Untersuchungsstandorten aus der Bergbaufolgelandschaft und von ehemaligen Truppenübungsplätzen mittels AFLP erbrachten folgende Ergebnisse:

Alle untersuchten Käfer wiesen ein unterschiedliches Bandenmuster auf. Die Gen-Diversität ( $H_e$ ) der einzelnen Käferpopulationen zeigten dagegen nur geringe Unterschiede. Zwischen *Calathus erratus*-Populationen der Bergbaufolgelandschaften und Populationen der Truppenübungsplätze wurden geringe Unterschiede in der Gen-Diversität festgestellt. Die genetischen Distanzen zwischen den untersuchten Käferpopulationen waren gering, sie stiegen mit größer werdender geographischen Entfernung zwischen den Populationen und einer höheren Anzahl an untersuchten *Calathus erratus*-Populationen geringfügig an.

Sowohl hinsichtlich der Anzahl polymorpher Banden, als auch der Gen-Diversitäten unterschieden sich die untersuchten Käferpopulationen von Untersuchungsstandorten auf ehemaligen Truppenübungsplätzen und aus Bergbaufolgelandschaften nicht signifikant. Eine genetische Verarmung der Käferpopulationen der Bergbaufolgelandschaften wurde nicht bestätigt. Das Alter der Untersuchungsflächen in der Bergbaufolgelandschaft beeinflusste die Gen-Diversität und die Bandenanzahl der Käferpopulationen nicht.

Es wurde eine geringe, auf die räumliche Struktur zurückzuführende Differenzierung zwischen den untersuchten *Calathus erratus*-Populationen festgestellt. Der überwiegende Anteil der genetischen Variation trat zwischen den Käferpopulationen auf. Dies lässt auf hohe Individuen-Austauschraten zwischen den Populationen und einem Austausch von genetischem Material schließen. Der Einfluss des Alters der Bergbaufolgelandschaften nach Verkipfung und kleinräumige geographische Entfernungen zwischen den Untersuchungsstandorten waren für die Erklärung der genetischen Variabilität innerhalb und zwischen den untersuchten *Calathus erratus*-Populationen von untergeordneter Bedeutung.

Eine Korrelation zwischen genetischer Distanz ( $F_{st}$ ) der Laufkäferpopulationen und geographischer Entfernung der Untersuchungsstandorte war nicht vorhanden. Eine entfernungsabhängige Änderung der genetischen Distanzen zwischen den *Calathus erratus*-Populationen wurde nicht nachgewiesen. Veränderungen von Gen-Diversitäten der *Calathus erratus*-Populationen in einem Drei-Jahres-Zeitraum, die am Beispiel von Käferpopulationen an drei Untersuchungsstandorten mit unterschiedlichem Alter (Zeit nach Verkipfung) untersucht wurden, konnten nicht bestätigt werden. Ein Einfluss des Flächenalters auf die genetische Variabilität der Käferpopulationen der Untersuchungsstandorte ließ sich ebenfalls nicht nachweisen.

In Deutschland tritt die dimorphe Laufkäferart *Calathus erratus* überwiegend kurz geflügelt auf. Auf jungen Untersuchungsflächen der Bergbaufolgelandschaft Schlabendorf Süd wurden nun bis zu 39% lang geflügelte Käferindividuen gefangen. Im Bereich der älteren Bergbaufolgelandschaftsflächen und auf den ehemaligen Truppenübungsplätzen traten dagegen keine



geflügelten *Calathus erratus*-Individuen auf. Die beiden ähnlich aussehenden Laufkäferarten *Calathus erratus* und *Calathus ambiguus* waren mittels AFLPs anhand charakteristischer Banden genetisch eindeutig zu unterscheiden.

Die höchsten Käferfangzahlen für die Laufkäferart *Calathus erratus* wurden für Untersuchungsstandorte mit lückiger Vegetation mit hohen Deckungsanteilen an Moos und Kryptogamen ermittelt.

## **Labidura riparia**

Der Sandohrwurm *Labidura riparia* hat seine Hauptaktivitätsphase in den Sommermonaten. Er bewohnt nur sandige, offene Landschaftsbereiche mit geringer Vegetationsbedeckung. Bei allen adulten untersuchten Tieren waren Flügel ausgebildet. Mit Flugfallen wurden keine Sandohrwürmer erfasst, so dass kein direkter Flugnachweis erfolgen konnte.

Mit Mikrosatelliten wurde die Populationsstruktur von 21 Sandohrwurmpopulationen von Standorten in Bergbaufolgelandschaften, von Truppenübungsplätzen, einer Kalihalde, der Küste und einer Binnendüne untersucht. Diese *Labidura riparia*-Populationen zeigten sich genetisch hoch divers. Alle untersuchten Sandohrwürmer wiesen ein unterschiedliches Genotypenmuster auf. Von 21 untersuchten Sandohrwurmpopulationen waren 15 Populationen nicht im Hardy-Weinberg-Gleichgewicht.

Sowohl bezogen auf die Allelzahl in den *Labidura riparia*-Populationen, als auch bei der Gen-Diversität wiesen die *Labidura*-Populationen der Küsten- und Binnendünenstandorte eine signifikant geringere Variabilität als die untersuchten Populationen der Bergbaufolgelandschaften und der ehemaligen Truppenübungsplätze auf. Eine genetische Verarmung der Sandohrwurmpopulationen der Sekundärhabitats (Bergbaufolgelandschaften und Truppenübungsplätze), sowie das Auftreten von bottlenecks (Flaschenhalseffekten) im Laufe der Kolonisierung ließen sich damit für diese Untersuchungsstandorte nicht bestätigen. Ein Einfluss des Flächenalters der Untersuchungsstandorte auf die Gen-Diversität und die Anzahl der Allele in den untersuchten Sandohrwurmpopulationen war nicht vorhanden.

Trotz eines hohen Austausches von genetischem Material zwischen den *Labidura riparia*-Populationen, war eine auf die räumliche Struktur zurückzuführende Differenzierung der Sandohrwurmpopulationen vorhanden. Die Sandohrwurmpopulationen der Küstenstandorte und der Primärhabitats unterschieden sich genetisch signifikant von den übrigen Standorten (Bergbaufolgelandschaften und Truppenübungsplätze). Der Sukzessionstyp (Primärsukzession- Bergbaufolgelandschaften, Sekundärsukzession- Truppenübungsplätze) und das Alter der Bergbaufolgelandschaften nach Verkipfung, war für die Erklärung der genetischen Variabilität innerhalb und zwischen den untersuchten Sandohrwurmpopulationen von untergeordneter Bedeutung.

Eine räumliche genetische Populationsstruktur der Sandohrwurmpopulationen war vorhanden. Zwischen geographischer Entfernung der Untersuchungsstandorte und der genetischen Distanz der Sandohrwurmpopulationen bestand ein signifikanter Zusammenhang: die genetische

Distanz zwischen den *Labidura riparia*-Populationen stieg mit Zunahme der geographischen Entfernung deutlich. Näher beieinander liegende Sandohrwurmpopulationen waren sich genetisch ähnlicher, als geographisch weiter voneinander entfernte Populationen.

Bei der Betrachtung der Allelverteilung zwischen den Populationen fiel auf, dass bestimmte Allele in den Küsten- und Binnendünen-Populationen fehlten, das spricht für eine stärkere Isolierung dieser Populationen von den Populationen der Bergbaufolgelandschaften und der Truppenübungsplätze.

Im Dendrogramm nach einer Clusteranalyse wurden besonders die Sandohrwurmpopulationen der Untersuchungsstandorte der Insel Hiddensee von allen anderen Untersuchungsstandorten separiert. Sandohrwurmpopulationen der Bergbaufolgelandschaften und der Truppenübungsplätze wurden zusammen gruppiert. Der Grad der Populationsdifferenzierung wurde mit einer bayesischen Clustermethode ermittelt. Hierbei wurde eine optimale Clusteranzahl von zwei ermittelt, d.h. die Populationen waren in zwei Clustern angeordnet, wobei die Küstenstandorte (Hiddensee und Altwarp) in einem Cluster und die anderen Standorte im zweiten Cluster zusammengefasst wurden.

Für Vergleichszwecke wurden Sandohrwürmer aus Frankreich, Gran Canaria, Japan und dem Sudan analysiert. Viele der für die deutschen *Labidura riparia* Populationen entwickelten Mikrosatelliten waren bei diesen Individuen zum Teil nicht polymorph, bzw. nicht vorhanden. Die deutschen Sandohrwurmpopulationen waren signifikant von den übrigen Populationen separiert. Anhand des Dendrogramms war eine Trennung der Ohrwurmpopulationen nach ihren Herkunftsländern möglich. Dies wurde ebenfalls im bayesischen Cluster deutlich. Die Anzahl der optimalen Cluster betrug zwei, d.h. die Individuen der deutschen Sammelstandorte zeigten sich von den übrigen *Labidura*-Populationen getrennt.

## 4 Diskussion

### 4.1 Ökofaunistik

#### 4.1.1 *Calathus erratus*

Die Laufkäferart *Calathus erratus* (Sahlberg 1827) wurde als Modellorganismus für die Untersuchungen ausgewählt. Die Art weist eine dimorphe Flügelausprägung auf und wird in Deutschland fast ausschließlich als kurz geflügelte Morphe nachgewiesen (Barndt et al. 1991, Turin 2000, Beier 2002). Obwohl eine gering entwickelte Flugmuskulatur nachgewiesen ist (Geipel & Kegel 1987) sind Flugbeobachtungen bei *Calathus erratus* nicht dokumentiert. Lang geflügelte Individuen wurden in sehr geringer Anzahl gefangen.

Nachweise von *Calathus erratus* sind aus fast ganz Europa (außer Südeuropa), sowie aus Kleinasien, dem Kaukasus und aus Sibirien bekannt (Wachmann et al. 1995). Die Art bevorzugt lückige Vegetation in der Krautschicht. An Untersuchungsstandorten mit einer ausgeprägten Moos- und Kryptogamenschicht wurden hohe Käferfangdichten ermittelt. Wies die Vegetation geringe Deckungswerte (< 30% Deckung), war *Calathus erratus* häufig noch nicht auf den Flächen anzutreffen. Auch Brunk (2007) nimmt an, dass das Auftreten einzelner Käferarten durch die Vegetationsbedeckung beeinflusst wird.

Der Fang der Tiere mittels Lebendfallen (Blumenkästen), die in den Boden eingegraben werden und der Leerungsrhythmus von einer Woche haben sich hinsichtlich der Fangeffizienz und des Arbeitsaufwandes bei den Leerungen bewährt.

#### 4.1.2 *Labidura riparia*

Eine charakteristische Art offener Sandflächen der Niederlausitz ist der Sandohrwurm *Labidura riparia* (Pallas 1773). Obwohl die Art ein Kosmopolit ist, reicht ihre Verbreitung in Europa nördlich der Alpen lediglich bis zur Nord- und Ostsee. In Deutschland weist sie nur zerstreute Vorkommen auf (Harz & Kaltenbach 1976, Schiemenz 1978) und wird auf der Roten Liste der bedrohten Tier- und Pflanzenarten als stark gefährdet eingestuft (Binot et al. 1998). Der Sandohrwurm zeigt ein charakteristisches Aussehen und ist einfach von anderen im Gebiet vorkommenden Ohrwurmart zu unterscheiden. Aktuelle Nachweise (nach 1980) dieser Art gibt es aus allen ostdeutschen Bundesländern. Erste Nachweise von *Labidura riparia* in der Lausitzer Bergbaufolgelandschaft erfolgten etwa seit Mitte des letzten Jahrhunderts (Oberlausitz: Jordan 1957, Niederlausitz: Donath 1988).

Anhand der vorliegenden Untersuchungen wurde belegt, dass Sandohrwürmer ihre höchste Aktivitätsdichte in den Sommermonaten aufweisen. Ihr Vorkommen war auf sandige, offene Landschaftsbereiche mit geringer Vegetationsbedeckung beschränkt. Alle untersuchten adulten Tiere wiesen Flügel auf. Flugbeobachtungen und Flugnachweise mit Flugfallen gelangen

nicht, sind aber bekannt (Kleinow 1966, Gross & Spink 1971, Kleinow 1971, Matzke 1995b, Lehmann & Matzke 2004).

Die gewählte Methode - Fang der Sandohrwürmer mit Lebendfallen (Blumenkästen) und Anlockung mit Hundetrockenfutter - erwies sich als erfolgreich. Dabei ist auf einen maximal 24-stündigen Leerungsrhythmus der Fallen zu achten.

## **4.2 Sukzession und genetische Diversität - Allgemeines und Stand der Forschung**

Die genetische Diversität einer Art befähigt sie, bei veränderten und verändernden Umweltbedingungen überleben zu können; eine hohe genetischen Diversität im Genpool der Populationen steigert die Überlebensfähigkeit der Population bei variierenden Umweltbedingungen (u. a. Amos & Balford 2001, Reed & Frankham 2003). Damit sind Arten dazu befähigt, neu entstandene Habitate, wie z.B. Bergbaufolgelandschaften zu besiedeln und sich auszubreiten (Hansson & Westerberg 2002, Wang & Whitlock 2003). In diesen neu besiedelten Habitaten können rasch ablaufende evolutionäre Prozesse stattfinden (Reznick & Ghalambor 2001). In räumlich strukturierten Populationen können evolutive Prozesse, die zur Anpassungen an lokale Standortbedingungen führen (Whitlock 2004) schnell ablaufen. Solche Prozesse wurden in Bergbauhalden (z.B. Wu et al. 1975) beobachtet.

Durch die Verknüpfung landschaftsökologischer Forschungsansätze mit populationsgenetischen Fragestellungen können geographisch und umweltbedingte Veränderungen der genetischen Populationsstruktur aufgezeigt werden (Manel et al. 2003, Turner 2005). Die Populationsgenetik untersucht dabei die Ausbreitung und Abundanz von Genotypen zwischen und innerhalb natürlicher Populationen. Untersuchungen zu geographischen genetischen Populationsstrukturen und Gen-Diversitäten kombinieren beides: demographische und genetische Prozesse, wie zum Beispiel: Aussterben & Wiederbesiedlung, Metapopulationsdynamiken, Genfluss, genetische Drift und natürliche Selektion (Desender & Verdyck 2001).

Primärsukzessionsprozesse finden in unbewohnten, unfruchtbaren Landschaften statt, in denen nach einer Störung weder Diasporen noch höhere Organismen vorhanden sind (z.B. Prach 1987, Begon et al. 1996). So können z.B. Gletscherrückgänge (Kaufmann 2001, Raffl et al. 2006), Vulkanausbrüche (del Moral 1993, 1998) und auch Tagebaue (Dunger 1990, 1991, Felinks 2000) neue Landschaften hinterlassen, die für die Kolonisierung durch Tiere und Pflanzen zur Verfügung stehen (Walker & del Moral 2003).

Bergbaufolgelandschaften können als Modellsysteme für Untersuchungen fundamentaler ökologischer Prozesse wie Kolonisierung und Populationsetablierung dienen. Während der Sukzession treten zu Beginn häufig schnelle Umweltveränderungen auf. Die Primärsukzession wird durch eine Verlagerung der Artenzusammensetzung charakterisiert: auf Pionierarten folgen frühe Kolonisten, welche dann von Arten späterer Sukzessionsstadien ersetzt werden (Walker & del Moral 2003).

Die Dynamik von Extinktion und Rekolonisation kann die effektive Populationsgröße, die Höhe der genetischen Diversität in den Metapopulationen und die Verteilung der genetischen Variation über die einzelnen Subpopulationen stark beeinflussen (Slatkin 1977, Hedrick & Gilpin 1997, Whitlock & Barton 1997). Der Grad des Verlustes von genetischer Variation im Metapopulationsmodell wird durch verschiedene Parameter beeinflusst. So können z.B. die Individuen, die leere Patches besiedeln, aus einer Gruppe von Individuen bestehen, die aus einem Patch, bzw. einer einzelnen Subpopulation stammen (propagule pool mode of colonisation, Slatkin 1977), oder die Gruppe der besiedelnden Individuen stammt aus einer Gruppe, die aus Individuen von allen besiedelten Patches zusammengesetzt ist. Individuen aus allen Subpopulationen tragen hier zu einem gemeinsamen Migranten-Pool bei (migration pool mode of colonisation, Slatkin 1977). Die Anzahl der Gründerindividuen beim Wiederbesiedlungsereignis, die Extinktions- und Kolonisationsrate, die Populationsgröße im Patch, die Anzahl der Patches und die Höhe des Genflusses zwischen den Patches können die Größe der genetischen Diversität beeinflussen (Hedrick 1999).

Die genetische Diversität junger Sukzessionsstadien unterscheidet sich von denen älterer Stadien durch eine höhere genotypische Variabilität in den Populationen (Gray 1987). Im Laufe der Zeit ist ein Absinken der genetischen Variabilität zu beobachten, wenn kein Austausch mit den Nachbarpopulationen besteht, dies wird z.B. für sukzessionale *Spartina*- (Travis et al. 2004) und *Calamagrostis epigejos*-Bestände (Lehmann 1997) gezeigt. Auch bei Pflanzenarten später Sukzessionsphasen wird eine höhere genetische Diversität nachgewiesen (Hamrick & Godt 1990). Weiterhin wird angenommen, dass während der Sukzession ein Wechsel in den Allel-Frequenzen stattfindet (Gray 1987). Hierzu liegen einige wenige genetische Studien an Pflanzen vor (z.B. Giles & Goudet 1997, Raffl et al. 2006). Studien an Insekten sind nicht bekannt.

Für die Entwicklung der genetischen Diversitäten der *Calathus erratus*-Populationen im Laufe der Sukzession wurden hier drei verschiedene Szenarien (Heyde & Durka 2006) aufgestellt:

Für **Szenario A** wird ein Anstieg der genetischen Diversität der Populationen durch stetige Einwanderung von Individuen mit neuen Genotypen angenommen, der durch kontinuierliche Immigrationsprozesse verursacht wird. Deshalb wird erwartet, dass jüngere Standorte genetisch homogener sind als ältere Besiedlungsstandorte. Des weiteren wird erwartet, dass die genetische Ähnlichkeit mit Zunahme der geographischen Entfernung zwischen den Standorten abnimmt.

In **Szenario B** weist die genetische Diversität der Populationen stabile mittlere Werte auf, die auf eine persistierende Gründerpopulation oder ein Extinktions-Immigrations-Gleichgewicht zurückzuführen sind. Wird ein einmaliges Gründerereignis mit wenigen Individuen angenommen, so wird erwartet, dass jüngere und ältere Besiedlungsorte innerhalb der jeweiligen Standorte ein ähnliches Muster an genetischer Diversität aufweisen, sowie im Vergleich zu gewachsenen Standorten genetisch verarmt sind. Die genetische Identität nimmt mit der Entfernung stark ab.

**Szenario C** beschreibt ein Absinken der genetische Diversität im Laufe der Zeit, beginnend mit einer hohen Anfangsdiversität (Gründerpopulation). Dieses Absinken wird auf fehlende Einwanderung neuer Individuen zurückgeführt. Die anfänglich hohe Diversität nimmt durch gerichtete Selektion (Aussterben bestimmter Genotypen) und /oder genetische Drift (zufälliges Aussterben), bedingt durch eine geringe Immigrationsrate, ab.

Ähnliche Szenarien wurden von Raffl et al. (2006) am Beispiel von *Saxifraga aizoides* für die Sukzession von Pflanzen nach Gletscherrückgängen aufgezeigt. Es wurden zwei Möglichkeiten vorgestellt, wie sich die genetische Diversität und die genetische Differenzierung zwischen Populationen während der Sukzession entwickeln kann: Einerseits kann sich die neu etablierende Population aus einer geringen Anzahl von angestammten Individuen entwickeln. Hier sollte die genetische Differenzierung zwischen den Pionierpopulationen durch Zufallseffekte hoch sein und die genetische Diversität durch die geringe Anzahl an Gründungs-Individuen gering ausfallen. Populationen älterer Sukzessionsstadien weisen, bedingt durch kontinuierliche Einwanderung neuer Gene in die Population nach ihrer Gründung, eine höhere genetische Diversität auf als jüngere Standorte (dieses Szenario entspricht Szenario A der Studie an *Calathus erratus*). Im zweiten Szenario ist die genetische Differenzierung zwischen den Pionierpopulationen auf Grund der Herkunft der Individuen von verschiedenen Orten höher, wenn die neu etablierte Population von einer größeren Anzahl angestammter Individuen abstammt (Solé et al. 2004). Die genetische Diversität der Populationen wird bedingt durch das Verschwinden verschiedener Genotypen durch genetische Drift oder Selektion im Laufe der Sukzession absinken. Das hier aufgezeigte zweite Szenario entspricht in etwa dem für die Bergbaufolgelandschaft entwickeltem Szenario C.

### 4.3 *Calathus erratus*

#### 4.3.1 Methodendiskussion AFLP

Während der letzten 15 Jahre konnte ein rasanter Anstieg molekularer Studien zur genetischen Verwandtschaft, zur Phylogenie, Populationsdynamik oder zur Gen- und Genomkartierung auch an Insekten festgestellt werden (Avice 2004, Behura 2006).

In der vorliegenden Studie wurde die genetische Diversität von *Calathus erratus*-Populationen gestörter Offenlandstandorte mittels AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism, Vos et al. 1995) untersucht. Mit AFLPs wird mit hoher Reproduzierbarkeit eine große Anzahl polymorpher Banden erzeugt, welche über weite Bereiche des Genoms des zu untersuchenden Organismus verteilt sind (Bensch & Akesson 2005). Da es sich um ein dominantes Markersystem handelt, können keine Informationen über das Auftreten homo- oder heterozygote Merkmale ermittelt werden, d.h. die Marker können zur Abschätzung von Häufigkeiten von Genotypen eingesetzt werden, aber nicht zur Abschätzung von Allelhäufigkeiten. Weiterhin sind keine Vorabinformationen über die DNA-Sequenzen notwendig, weite Bereich des Genoms werden untersucht, und viele Marker können in kurzer Zeit analysiert werden (Mueller & Wolfenbarger 1999).

Neutrale Marker, wie AFLP, zeigen andere Muster als der Selektion unterliegende Marker (Reed & Frankham 2001). Anhand von AFLP-Markern können z.B. Aussagen über den Besiedlungsverlauf, Flaschenhalseffekte und genetische Drift getroffen werden (Houssard & Escarré 1995). Durch die Analyse der genetischen Diversität der Populationen kann der Genfluss zwischen lokalen Populationen gemessen werden (Bensch & Åkesson 2005, Behura 2006). Die Methode AFLP ist gut für Populationsstrukturuntersuchungen und zur Analyse des Besiedlungsgeschehens geeignet (Hardy 2003, Tero et al. 2003).

Eine Auswertung des Jahrganges 2006 der Zeitschrift „Molecular Ecology“ (Blackwell Publishing) hinsichtlich der Verwendung von AFLP-Analysen bei genetischen Untersuchungen anhand von Organismengruppen ergab, dass AFLP-Analysen besonders häufig bei Pflanzen zu Einsatz kamen ( $n = 24$ , Pflanzen = 58,3%) Untersuchungen an Tieren, besonders Insekten, waren hingegen mit 4% der publizierten Analysen unterrepräsentiert. Auch Bensch & Åkesson (2005) kritisierten, dass AFLP als Methode in über 10jähriger Einsatzzeit überwiegend bei Pflanzen, Bakterien und Pilzen, mit einer starken Ausrichtung auf ökonomisch wichtige Kulturarten und ihrer Krankheiten eingesetzt wurde. Diesen Zustand führten sie darauf zurück, dass Zoologen und Botaniker häufig in verschiedenen Instituts-Gebäuden untergebracht sind und ihre Veröffentlichungen in verschiedenen Zeitschriften publizieren. Dadurch ist der Informationstransfer zwischen den Wissenschaftsgebieten möglicherweise unterbrochen, so dass die AFLP-Methode kaum in Studien mit Wildtierarten eingesetzt wurde. Bis 2003 gab es ca. 1200 Studien an Pflanzen, aber nur 115 Studien an Tieren bei denen die Methode AFLP genutzt wurde (Bensch & Åkesson 2005). Inzwischen wurden mehrere populationsgenetischen Untersuchungen mittels AFLP an Käfern veröffentlicht (z.B. Hawthorne 2001, Szalanski & Owens 2003, Carisio et al. 2004, Breuker et al. 2005, Blanc et al. 2006, Sander et al. 2006a).

#### **4.3.2 Diskussion genetische Analysen an *Calathus erratus***

Durch die Verwendung von Lebendfallen konnten die Käfer lebendig in flüssigen Stickstoff überführt und dort bis zur DNA-Extraktion gelagert werden. Nach dem Test verschiedener DNA-Extraktionsmethoden erwies sich die Freisetzung der DNA aus Kopf und den Käferbeinen mittels DNeasy Kits (Qiagen, Hilden) besonders für die spätere Verwendung für die AFLP-Analysen als optimal.

In Voruntersuchungen hatte sich gezeigt, dass eine hohe Variabilität der genetischen Diversität in den Käferpopulationen zu erwarten war. Da besonders bei der selektiven Amplifikation (dritter Schritt der AFLP-Analyse, siehe Kapitel 2.3.4.3) häufig keine oder schlecht verwertbare Ergebnisse erzielt wurden, wurde die Entscheidung getroffen, alle Proben auf je einer PCR-Platte mit 96 Probenplätzen pro Primerkombination zu analysieren, um für alle Proben identische Analysevoraussetzungen zu schaffen. Pro Probefläche konnten damit abschließend nur 6-8 Tiere untersucht werden. Die Vergleichbarkeit der erzielten Ergebnisse wurde jedoch erhöht. Signifikante Abhängigkeiten zwischen der Anzahl der untersuchten Individuen pro Untersuchungsfläche und der gefundenen genetischen Diversität der Käfer wurden nicht nachgewiesen.



### 4.3.3 Habitatfragmentation und genetische Diversität

In anthropogen beeinflussten Habitaten wirken sich besonders die Intensität der Bewirtschaftung, die Isolierung der Flächen und die Flächengröße auf die Artenanzahl und die Populationsdichten der Käfer aus (Desender et al. 1999, Koivula et al. 2002, Brouat et al. 2003). Die Besiedlung gestörter Gebiete durch Käfer erfolgt häufig relativ schnell aus den umgebenden Biotopen (Roslin 2001, Keller & Lariager 2003).

Teilpopulationen mit verringertem Genfluss zwischen den lokalen Populationen der einzelnen Habitatpatches weisen durch ihre geringere genetische Vielfalt (Frankham et al. 2002, Reed & Frankham 2003) und durch die geringere räumliche Risikostreuung (Den Boer 1971) ein höheres Extinktionsrisiko auf, als Populationen in nicht fragmentierten Landschaften. Besonders kleine, weniger mobile Arten sind gefährdet (Drees 2003). Fragmentierung führt damit allgemein zu einer Reduktion der genetischen Diversität (Avise & Hamrick 1996). Sie kann allerdings auch, bedingt durch eine Verringerung des Genflusses, die genetische Differenzierung zwischen Populationen erhöhen (Slatkin 1994, Desender et al. 1998, Drees 2003).

Bedingt durch die Habitatfragmentation beherbergen kleinere Habitatpatches kleinere und stärker isolierte Populationen (Young & Clarke 2000, Leblois et al. 2006). Kleinere Populationen weisen auf Grund des Einflusses der genetischen Drift oder durch Inzucht eine geringere genetische Diversität und damit eine geringere Adaptationsfähigkeit als große Populationen auf (Frankham 1995). Der Genfluss zwischen den Populationen ist wichtig für die Aufrechterhaltung der lokalen genetischen Variabilität. Er wirkt dem Verlust an genetischer Diversität, der durch die genetische Drift verursacht wird, entgegen. Für mehrere Käferarten wurde belegt, dass die genetische Diversität der Populationen von der Größe der Habitatfragmente abhängt (Keller & Lariager 2003, Williams et al. 2003, Patt 2004), es gibt allerdings auch Beispiele von Pflanzen, wo dies nicht so war (z.B. Tero et al. 2003).

### 4.3.4 Populationsstrukturierung

Die Strukturierung der Landschaft kann sich auf das Muster der genetischen Differenzierung auswirken. Unter der Voraussetzung, dass ein regionales Gleichgewicht zwischen Genfluss und genetischer Drift vorhanden ist, stellt sich ein Muster von isolation-by-distance zwischen den Populationen ein (Wright 1943, Hutchinson & Templeton 1999). Dabei gehen Allele durch Driftereignisse aus der Population verloren und werden durch den Genfluss zwischen Populationen der Region wieder ersetzt.

Es können verschiedene Zusammenhänge zwischen genetischen Distanzen ( $F_{st}$ ) und geographischen Distanzen der Populationen bestehen (Abbildung 46). So kann sich ein regionales Gleichgewicht von Genfluss und genetischer Drift zwischen den Populationen einstellen (Abbildung 46a). Dieses regionale Gleichgewicht kann fehlen, wenn der Genfluss größer ist als die genetische Drift zwischen den Populationen (Abbildung 46b) oder wenn die Gendrift einen höheren Einfluss hat, als der Genfluss (Abbildung 46c). Auch kann das Fehlen eines regionalen Gleichgewichtes zustande kommen, wenn Genfluss und Gendrift die regionale Populationsstruktur skalenabhängig beeinflussen. Der Genfluss hat dann im Bereich kürzerer

geographischer Distanzen einen höheren Einfluss als die Gendrift, während die Gendrift bei größeren geographischen Entfernungen die räumliche genetische Struktur der Population beeinflusst (Abbildung 46d, Hutchinson & Templeton 1999).

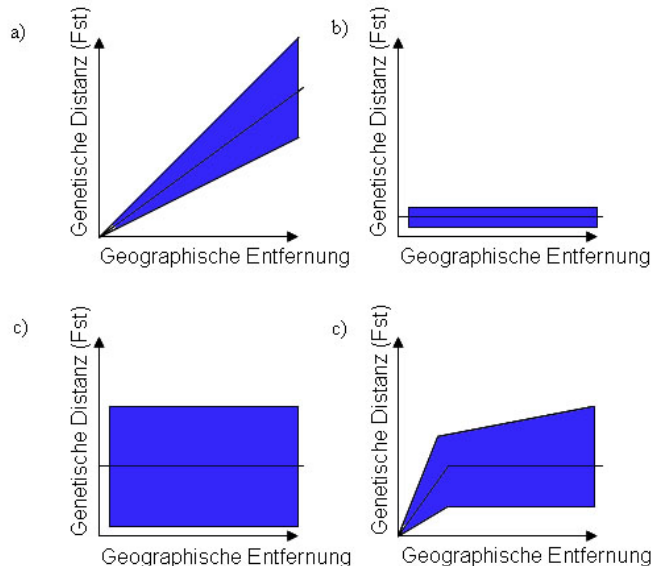


Abbildung 46: Graphische Darstellung der hypothetischen Beziehung zwischen genetischer Distanz ( $F_{st}$ ) und geographischer Distanz zwischen Populationen, a) regionales Gleichgewicht zwischen Genfluss und Gendrift, b) Fehlen eines regionalen Gleichgewichtes – der Genfluss zwischen den Populationen ist größer als die genetische Drift, c) Fehlen eines regionalen Gleichgewichtes – die Drift hat mehr Einfluss als der Genfluss, d) Fehlen eines regionalen Gleichgewichtes – Genfluss und Drift beeinflussen die regionale Populationsstruktur skalenabhängig: der Genfluss hat bei geringen geographischen Distanzen einen höheren Einfluss als die Drift, die Drift beeinflusst die Populationsstruktur bei größeren geographischen Entfernungen. Die blau markierten Bereiche verdeutlichen die ungefähren Bereiche der Streuung. Die schwarze Linie im Mittelbereich der blauen Flächen stellt näherungsweise die Beziehung zwischen genetischer und geographischer Distanz dar. Leicht verändert nach Hutchinson & Templeton (1999).

Viele regionale Populationen befinden sich nicht in einem Gleichgewicht, da die Populationen nicht lange genug existieren oder die erforderlichen Bedingungen nicht lange genug andauern, um ein regionales Muster von isolation-by-distance auszubilden (McCauley 1993, Hutchinson & Templeton 1999). Kommt das stepping-stone-Modell der Populationsstrukturentwicklung (Kimura 1953) zur Anwendung, bei dem die Ausbreitungsfähigkeit der Organismen durch die geographische Entfernung zwischen den Populationen beeinflusst wird, so findet der Genfluss meist zwischen benachbarten Populationen statt. Dieses Modell konnte für einige Waldarten bestätigt werden (z.B. *Abax parallelepipedus*, *Pterostichus oblongopunctatus*: Butterweck 1998). Geographisch näher beieinander liegende Populationen sind sich genetisch ähnlicher als andere Populationen (Wright 1943). Auf größerer räumlicher Skala steigt die genetische Distanz der Käferpopulationen nicht mehr an, wenn ein starker Genfluss zwischen den Populationen die Effekte der genetischen Drift aufheben kann (z.B. Keyghobadi et al. 1999, Sander et al. 2006b). Aber auch Barrieren, die den Genfluss beeinträchtigen, können sich auf das isolation-by-distance-Gleichgewicht auswirken (Garnier et al. 2004).

Die Skala auf der die isolation-by-distance auftritt, ist vom Ausbreitungsvermögen und -verhalten der Arten abhängig (Brouat et al. 2003). Nach der dispersal-gene-flow-Hypothese

(Desender & Verdyck 2000) ist der Grad des Genflusses zwischen den Populationen mit der Ausbreitungsfähigkeit der Art korreliert. So können Populationen großer flugunfähiger Carabiden (z.B. bei *Carabus auronitens*, Drees 2003) oder Habitatspezialisten wie Waldarten mit zunehmender Individuengröße (Gibb et al. 2006) in ihrer Ausbreitungsfähigkeit eingeschränkt sein. Dies führt zu einer stärkeren Differenzierung zwischen geographisch weit voneinander entfernten Populationen und einer Populationsstrukturierung in der Landschaft.

Populationen bestimmter Arten mit hohem Dispersionsvermögen sind in kontinuierlichen Habitaten meist nur gering differenziert. Hohe genetische Diversitäten in den Käferpopulationen ohne geographische Strukturierungen wiesen z.B. *Pogonus chalceus* (Desender et al. 1998, Dhyvetter et al. 2005a), *Bembidion minimum*, *Bembidion normannum* (Desender & Verdyck 2001), *Carabus nemoralis* (Brouat et al. 2003), *Carabus violaceus*, *Carabus auronitens* (Keller & Largiader 2003), *Abax ater*, *Pterostichus madidus* (Desender et al. 2005) und *Monolepta vincta* (Patt 2004) auf.

Roslin (2001) stellte z.B. bei dem Dungkäfer *Aphodius fossor* einen hohen „population-turnover“ mit hohen Austauschraten zwischen den Populationen fest. Nach dieser Untersuchung ist die gesamte finnische Festlandspopulation von *A. fossor* als eine große „patchy population“ mit hohen Austauschraten zwischen den lokalen Populationen zu beschreiben. Für die hochmobilen *Bembidion*-Arten *B. minimum* und *B. normannum*, die nur geringe genetischen Unterschiede zwischen den lokalen Populationen aufwiesen, wurde eine Metapopulation auf einer sehr großen geographischen Skala (ganz Westeuropa) postuliert (Desender & Verdyck 2001). Bei *Poecilus versicolor*, der eine hohe Ausbreitungsfähigkeit aufweist, wurde ein starker Genfluss, welcher von der Landschaftsstruktur der Umgebung abhängig war, festgestellt (Sander et al. 2006b). Für diese Art wurde das Entstehen einer großen kontinuierlichen Population postuliert, da keine räumlich geteilten Subpopulationen vorhanden waren. Auch in heterogenen Landschaften wurden teilweise hohe genetische Diversitäten in Käferpopulationen nachgewiesen (z.B. bei *Abax ater*, *Pterostichus madidus*, Desender et al. 2005).

Ein regionales Gleichgewicht zwischen Genfluss und genetischer Drift (isolation-by-distance) wurde überwiegend an weniger mobilen Arten nachgewiesen, z.B. bei *Carabus auratus* (Sander et al. 2006a). Stärkere räumliche Populationsstrukturierungen traten besonders bei Habitatspezialisten auf, wo andere Habitattypen in der Umgebung als Barrieren für den Genfluss wirken konnten. Die Waldart *Carabus punctatoauratus* war stärker räumlich strukturiert als die euryöke Art *Carabus nemoralis* (Brouat et al. 2003). Die Waldart *Abax ater* war zwischen verschiedenen Waldfragmenten genetisch differenziert (Desender et al. 1999). Für diese Arten mit einem geringen Ausbreitungsradius wurde gezeigt, dass eine abnehmende Habitatgröße in einer fragmentierten Landschaft zu einem Verlust an genetischer Variabilität der Populationen führen kann. Der Einfluss der Habitatqualität auf die genetische Diversität der Käferpopulationen ist gering (Brouat et al. 2003).

Von Keller & Largiader (2003) wurden der Einfluss von Habitatfragmentation durch große Straßen auf nicht flugfähige Käferarten untersucht. Bei der Waldart *Carabus violaceus* führte diese Fragmentierung zu einer Reduktion des Genflusses und zu einem Verlust an genetischer

Variabilität in den Populationen. Bei *Abax parallelepipedus* kam es zu genetischen Differenzierungen (Keller et al. 2004).

Auch die Stabilität des Lebensraumes kann sich auf die Ausbreitungsfähigkeit der Käfer und damit auf die genetische Diversität und die genetischen Distanzen zwischen den Populationen auswirken. Desender et al. (2000) fanden für den Salzmarschlaufkäfer *Pogonus chalceus* für mediterrane Populationen, mit einer geringen Stabilität und häufigen Extinktions- und Rekolonisationsereignissen, eine geringe genetische Differenzierung verbunden mit einer hohen Ausbreitungsfähigkeit. Bei *Pogonus littoralis* waren die mediterranen Populationen signifikant von den atlantischen Populationen differenziert. Die stärker isolierten atlantischen Populationen wiesen eine stärkere Differenzierung auf (Dhyvetter et al. 2005b).

Einzelne Gründer-Ereignisse, die zur Kolonisierung eines Lebensraumes führen, werden selten nachgewiesen. Für die Laufkäferart *Calosoma granatense* auf den Galapagos-Inseln (Desender & Verdyck 2000) wurde gezeigt, dass starke genetische Differenzierungen zwischen den Käferpopulationen der einzelnen Inseln auftraten und gut mit der geographischen Lage und dem geologischen Alter der Insel übereinstimmten. Für das Auftreten dieser starken genetischen Unterschiede zwischen Käferpopulationen ist jedoch eine strenge Isolierung der einzelnen Populationen voneinander nötig. In fragmentierten Landschaften, wie z.B. Agrarlandschaften oder Bergbaufolgelandschaften ist dies kaum möglich.

Im Rahmen der vorliegenden Untersuchungen wurden erstmals genetische Untersuchungen an der Laufkäferart *Calathus erratus* im Bereich der Niederlausitzer Bergbaufolgelandschaften und auf Truppenübungsplätzen in Brandenburg durchgeführt. Anhand dieser Untersuchungen wurde belegt, dass *Calathus erratus* eine höhere Mobilität, als vor Beginn der Studie angenommen, aufweist. Populationsgenetische Strukturanalysen mittels AFLP an 13 Populationen des Laufkäfers erbrachten für alle untersuchten Käfer ein unterschiedliches Bandenmuster. Die Gen-Diversitäten der einzelnen Käferpopulationen waren durchgehend hoch und wiesen nur geringe Unterschiede zwischen den Populationen auf. Eine entfernungsabhängige Änderung (bis 125 km) der genetischen Distanzen zwischen den Populationen und damit eine Korrelation zwischen genetischer Distanz und geographischer Distanz wurde nicht bestätigt. Eine isolation-by-distance wurde wie bei anderen mobilen Käferarten nicht nachgewiesen.

Zwischen Käferpopulationen der Bergbaufolgelandschaften und Käferpopulationen von Truppenübungsplätzen waren kaum Unterschiede in der Gen-Diversität festzustellen. Flaschenhals- (bottleneck) Situationen traten bei der Untersuchungsart in den Bergbaufolgelandschaftspopulationen nicht auf. Eine genetische Verarmung der Käferpopulationen der Bergbaufolgelandschaften wurde damit nicht bestätigt. Die Besiedlung der Bergbaufolgelandschaften der Niederlausitz durch *Calathus erratus* erfolgte durch mehrmalige Besiedlungsereignisse mit größeren Individuenanzahlen. Die besiedelnden Individuen stammten aus dem Umland. Der Sukzessionstyp der von *Calathus erratus* zu besiedelnden Gebiete, Primärsukzession (Bergbaufolgelandschaften) oder Sekundärsukzession (ehemalige Truppenübungsplätze), war von untergeordneter Bedeutung für das Besiedlungsgeschehen.

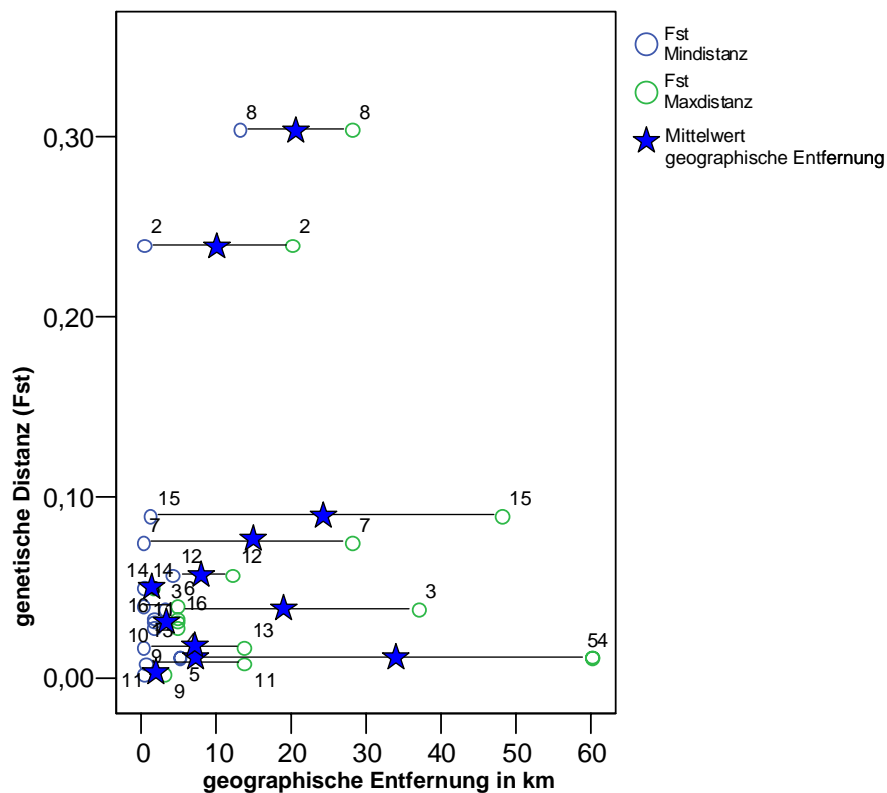


Abbildung 47: Graphische Darstellung der genetischen Distanzen ( $F_{st}$ ) zwischen Käferpopulationen, die gegen die geographischen Entfernungen bis 60 km (minimale und maximale Entfernungen) zwischen den untersuchten Populationen aufgetragen wurden. Die farbigen Punkte zeigen den Bereich der geographischen Entfernung zwischen den Populationen an, die blauen Sterne markieren die mittleren geographischen Entfernungen. Weitere Informationen zu den analysierten Käferdatensätzen (Art, genetischer Marker, Habitattyp) sind Tabelle 31 im Anhang zu entnehmen. Die Werte für genetische Distanzen und geographische Entfernungen zwischen den Populationen wurden: 1. Butterweck (1998), 2. Sander et al. (eingereicht), 3. De Vries (1996), 4. und 5. Desender & Verdyck (2001), 6., 7., 8. Drees (2003), 9. Assmann (1998), 10. Butterweck (1998), 11. Brouat et al. (2003), 12. Assmann (1998), 13. Brouat et al. (2003), 14. Keller & Largiadér (2003), 15. De Vries (1996), 16. Butterweck (1998) entnommen.

In Abbildung 47 werden die genetischen Distanzen zwischen den Populationen und die analysierten geographischen Entfernungen (bis 60 km) für verschiedene Laufkäferarten nach Literaturangaben graphisch dargestellt. Weitere Informationen zu den Studien sind Tabelle 31 im Anhang zu entnehmen. Es wird ersichtlich, dass bei vielen Studien an Laufkäfern geringe genetische Distanzen von 0,01 bis 0,30 zwischen den untersuchten Käferpopulationen, auch über größere geographische Entfernungen hinweg, ermittelt werden (z.B.  $F_{st} = 0,04$  bei Entfernungen bis 37 km (DeVries 1996),  $F_{st} = 0,09$  bei Entfernungen bis 48 km,  $F_{st} = 0,041$  bei Distanzen bis 500 km (Desender et al. 1998, nicht dargestellt)). Die für die Analysen verwendeten Markersysteme hatten keinen Einfluss auf die Resultate. Eine Zunahme der genetischen Distanzen zwischen den Käferpopulationen bei größeren geographischen Entfernungen zwischen den Populationen war nicht zu verzeichnen. Bei den untersuchten Arten handelte es sich mit *Agonum*-, *Pterostichus*- und *Pogonus*-Arten, um hochmobile Arten. Werden Habitatspezialisten in fragmentierten Habitaten über größere geographische Distanzen (> 10 km) untersucht, so können, bedingt durch einen geringeren genetischen Austausch zwischen den

Populationen, größere genetische Distanzen gefunden werden, z.B. bei *Abax parallelepipedus* (Sander et al. eingereicht, Nr. 2 in Abbildung 47) oder verschiedenen *Carabus*-Arten (Drees 2003, Nr. 7 und 8 in Abbildung 47, Garnier et al. 2004, nicht dargestellt).

Mit genetischen Distanzen von  $F_{st} = 0,023$  zwischen den untersuchten *Calathus erratus*-Populationen bei geographischen Entfernungen von bis zu 120 km, wurde bestätigt, dass es sich bei *Calathus erratus* ebenfalls um eine sehr mobile Art handelt, die eine sehr geringe, auf die räumliche Struktur zurückzuführende Differenzierung zwischen den Populationen aufwies. Der überwiegende Anteil der genetischen Variabilität (ca. 97%, Tabelle 16) trat innerhalb der untersuchten *Calathus erratus*-Populationen auf. Dies lässt auf große Populationsgrößen (bis zu 80 gefangenen Individuen pro Untersuchungsstandort im Fangzeitraum, vgl. Tabelle 7), hohe Individuen-Austauschraten, hohes Ausbreitungsvermögen und einen hohen Genfluss zwischen den Populationen schließen.

Die hohe Mobilität von *Calathus erratus* und die hohe Migrationsrate führten zu einer Reduktion der genetischen Differenzierung zwischen den Populationen. Ein regionales Gleichgewicht zwischen Genfluss und genetischer Drift (Hutchinson & Templeton 1999) wurde bei den untersuchten *Calathus erratus*-Populationen nicht gefunden. Der Genaustausch mit in der Umgebung der Bergbaufolgelandschaften lebenden Populationen ist möglich. Bei den weiter entfernten Untersuchungsstandorten sind die Wirkung von Faktoren wie Isolation und genetischer Drift nicht auszuschließen.

Anhand der vorliegenden Ergebnisse sind Rückschlüsse auf das Besiedlungsverhalten von *Calathus erratus* und die geographische Herkunft der Käfer in der Bergbaufolgelandschaft der Niederlausitz möglich. Die Besiedlung von gestörten Gebieten erfolgte relativ schnell aus den umgebenden Biotopen. Die Käfer können auch größere Entfernungen überwinden. Dies ist möglich, da die Laufkäferart *Calathus erratus* auch in Habitaten, wie Ruderalfluren oder Ackerunkrautfluren vorkommt, die in der Umgebung der Bergbaufolgelandschaften vorzufinden sind. Die Abundanzen dieser Art sind in diesen Gebieten jedoch wesentlich niedriger.

#### **4.3.5 Entwicklung der genetischen Diversität der Käferpopulationen im Laufe der Zeit**

Das Alter der Flächen (Zeit seit Verkipfung) in der Bergbaufolgelandschaften der Niederlausitz beeinflusste die Gen-Diversität der *Calathus erratus*-Populationen auf gestörten Offenlandflächen nicht. Die genetischen Distanzen der *Calathus erratus*-Populationen blieben über einen Untersuchungszeitraum von drei Jahren an unterschiedlich alten Untersuchungsstandorten gleich groß. Eine Veränderung der genetischen Diversität im Laufe der Zeit trat nicht auf. Ein Einfluss des Flächenalters auf die genetische Struktur der Käferpopulationen der Untersuchungsstandorte war nicht nachweisbar. Die genetische Diversität der Käferpopulationen war im Laufe der Sukzession auf hohem Niveau stabil.

Für das Vorhandensein stabiler Käferpopulationen sind optimale Habitatbedingungen für die jeweilige Käferart wichtig (Brunk 2007). Die Zusammensetzung der Vegetation ist in den Bergbaufolgelandschaften der Niederlausitz nicht vom Alter des Tagebaues abhängig, son-

dern die Zusammensetzung der Vegetation ist tagebauspezifisch und zusätzlich von der Historie des Standortes abhängig (Denkinger 2006). Untersuchungen zur Vegetation (Felinks 2000, Denkinger 2006) und faunistische Untersuchungen z.B. an Spinnenzönosen (Mrzljak & Wiegler 2000) bestätigen diese Ergebnisse.

Die Pionierart *Calathus erratus* wird auf Flächen ohne oder mit geringer Vegetationsbedeckung (z.B. Tagebau Cottbus Nord, zwei Jahre nach Verkipfung) nicht nachgewiesen. Optimale Habitatbedingungen mit lückiger, kryptogamenreicher Vegetation weist der mittel alte Untersuchungsstandort Schlabendorf-Nord auf. Hier war die Anzahl der gefangenen Käfer hoch (vgl. Tabelle 7). Die jungen Untersuchungsstandorte in der Bergbaufolgelandschaft Schlabendorf-Süd befinden sich in einem Stadium der Sukzession, welches den Beginn optimaler Habitatbedingen für die Pionierart *Calathus erratus* darstellt. Im Bereich des ältesten Untersuchungsstandortes in Plessa ist ein Übergang zu einem Waldstandort zu beobachten. Hier werden die noch vorherrschenden optimalen Habitatbedingungen für *Calathus erratus* in absehbarer Zeit durch die fortschreitende Sukzession in suboptimale Bedingungen übergehen (Abbildung 48). Nur auf Flächen mit optimalen Habitatbedingungen für die Untersuchungsart kommen *Calathus erratus*-Populationen mit großen Individuenanzahlen vor.

Für die Entwicklung der genetischen Diversität der *Calathus erratus*-Populationen der Bergbaufolgelandschaften der Niederlausitz im Laufe der Sukzession, konnte folgendes Modell (Abbildung 48) aufgestellt werden: wenn geeignete Habitatbedingungen auf den Flächen vorherrschen, weisen schon junge Sukzessionsstandorte, wie die Bergbaufolgelandschaft Schlabendorf-Süd *Calathus erratus*-Populationen mit hohen Gen-Diversitäten auf. Diese hohe Gen-Diversität in den Käferpopulationen bleibt auch an älteren Untersuchungsstandorten (Schlabendorf-Nord, Plessa) erhalten. Die Käferpopulationen der Untersuchungsstandorte cP, Nord und Ple bilden ein Plateau mit hohen Gen-Diversitäten aus. Wie sich *Calathus erratus*-Populationen auf initialen Stadien in den Bergbaufolgelandschaften etablieren, konnte nicht belegt werden. In noch jüngeren Bergbaufolgelandschaften (z.B. Cottbus-Nord, zwei Jahre nach Verkipfung) kamen Individuen dieser Art nicht vor. Eine Abnahme der Gen-Diversität an älteren Untersuchungsstandorten in den Bergbaufolgelandschaften (z.B. Plessa) war nicht zu beobachten. Bei weiter fortschreitender Sukzession werden diese Flächen keine optimalen Habitatbedingungen mehr für die Pionierart *Calathus erratus* aufweisen. Die Gen-Diversität der Populationen verringert sich durch das Absinken der Populationsgröße, welche durch Emigrationsprozesse entsteht.

Keines der in Kapitel 4.2 aufgestellten Szenarien A, B und C der Entwicklung der genetischen Diversität der *Calathus erratus*-Populationen im Laufe der Zeit lässt sich mit den vorliegenden Untersuchungen bestätigen. Die Gen-Diversitäten der Käferpopulationen sind unabhängig vom Alter der Standorte hoch. Eine genetische Verarmung der Bergbaufolgelandschaftspopulationen durch ein einmaliges Besiedlungsereignis, eine Abnahme der genetischen Ähnlichkeit der Populationen mit zunehmender geographischer Entfernung und ein Absinken der genetischen Diversität im Laufe der Zeit wurde nicht festgestellt.

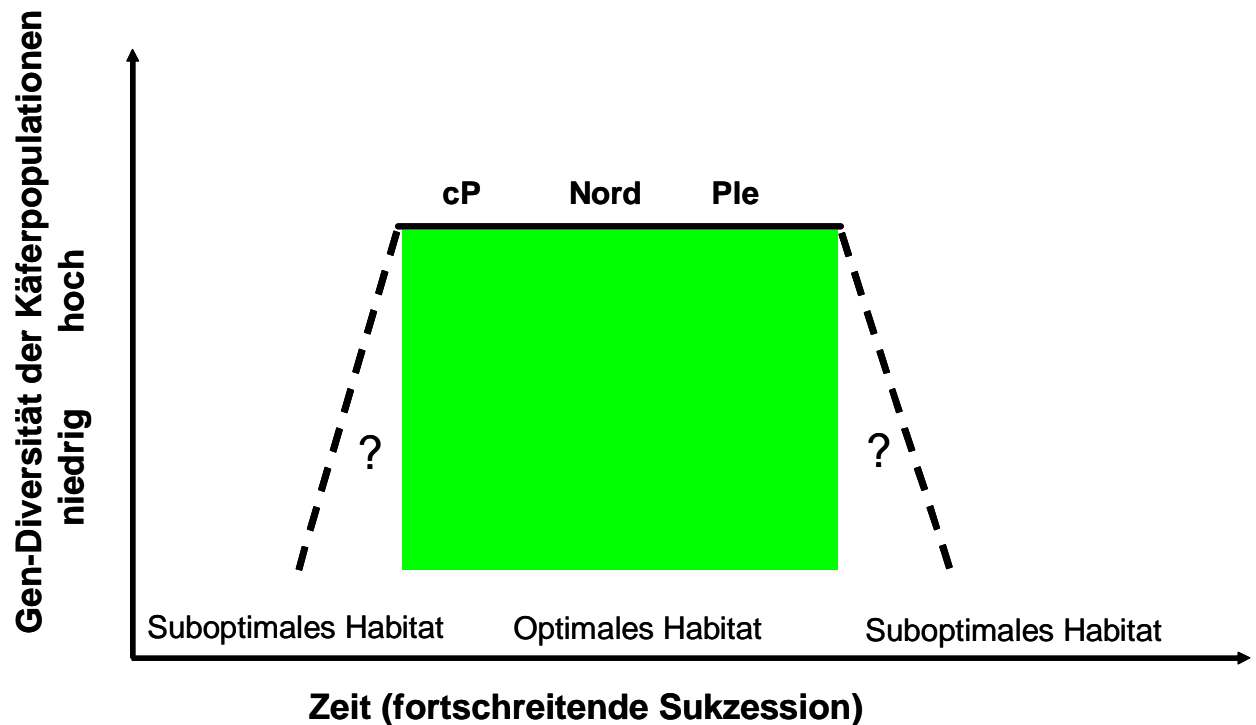


Abbildung 48: Modell der Entwicklung der genetischen Diversität in den *Calathus erratus*-Populationen der Bergbaufolgelandschaften der Niederlausitz im Laufe der Sukzession, mit Darstellung der Gen-Diversität. cP (junger Standort in Schlabendorf-Süd, ca. 14 Jahre), Nord (mittel alter Standort in Schlabendorf-Nord, 27 Jahre) und Ple (alter Standort in Plessa, 56 Jahre); durchgehende schwarze Linie: Gen-Diversität der *Calathus erratus*-Populationen im Rahmen der Studie ermittelt; gestrichelte schwarze Linie: hypothetische Entwicklung der Gen-Diversität der *Calathus erratus*-Populationen.

Da für den Beginn der Besiedlung (linker Bereich der Abbildung 48 mit Fragezeichen) und die Aussterbephase der Käferpopulationen (rechter Bereich Abbildung 48 mit Fragezeichen) keine Beobachtungen vorlagen, konnten keine Schlussfolgerungen über diese Phasen der Besiedlung gezogen werden. Auch ist unbekannt, wie steil der Anstieg der genetischen Diversität in diesen Phasen ist. Es kann jedoch davon ausgegangen werden, dass nach der Einstellung von geeigneten Habitatbedingungen eine schnelle Besiedlung stattfindet und mit einem steilen Anstieg der genetischen Diversität zu rechnen ist. Das Absinken der genetischen Diversität in der Schlussphase wird durch eine allmähliche Abnahme der Populationsgröße voraussichtlich langsamer erfolgen. Durch Resultate belegt ist der mittlere Bereich der Graphik mit einem Plateau, das eine stabile hohe Gen-Diversität der *Calathus erratus*-Populationen über einen längeren Zeitraum dokumentiert. Schon in frühen Sukzessionsstadien treten hohe Gen-Diversitäten in den Käferpopulationen auf.

#### 4.3.6 Flügel Ausbildung bei *Calathus erratus*

Obligat beflügelte Käferarten weisen häufig eine höhere genetische Diversität und eine geringere genetische Differenzierung zwischen den Populationen auf, als Arten mit Flügeldimorphismus (z.B. *Dicheirotrichus gustavii*, obligat beflügelt und *Pogonus chalceus*, mit Flü-



geldimorphismus, Desender et al. 1998). Populationen mit hoher Ausbreitungsfähigkeit zeigen selten eine Populationsstrukturierung (Ward et al. 1992, Desender et al. 1998).

Das Auftreten hoher prozentualer Anteile makropterer Individuen wird häufig mit Habitaten in instabilen Lebensräumen in Verbindung gebracht. Für diese Habitate werden häufige Kolonisations-, bzw. Rekolonisationsprozesse angenommen (Brandmayr 1983, Ås 1984, Beyer & Grube 1997). Stabilisieren sich die Lebensbedingungen der Habitate, so erfolgt bei Arten mit einem Flügelpolymorphismus häufig eine allmähliche Selektion, die zu einer Abnahme des Dispersionsvermögens, wie z.B. einer Rückbildung der Flugmuskulatur und eine Reduktion der Flügellänge, führen kann (Den Boer et al. 1980, Den Boer 1987). Eine abnehmende Ausbreitungsfähigkeit von Käfern durch einen Rückgang der Anteile geflügelter Individuen in den Populationen wurde z.B. in Küstendünenbereichen bei *Pogonus chalceus* (Desender et al. 1998) mit zunehmendem Flächenalter nachgewiesen. Auch in großen Populationen traten überwiegend Käfer mit reduzierter Flügellänge und zurückgebildeter Flugmuskulatur auf (Desender et al. 1998).

Bei den bisher untersuchten Käferarten, ist die Flügelausbildung genetisch determiniert (Desender 1989, Aukema 1995). Umweltfaktoren, wie Nahrungsverfügbarkeit und Umgebungstemperaturen können als Einflussgröße auf die Ausbildung von Flügeln ausgeschlossen werden (Desender 1989). Ein Komplex aus verschiedenen Faktoren muss zur Ausprägung kommen, um die Flugmuskulaturentwicklung zu initiieren. Solche Faktoren können z.B. Habitatwahl, Lebenszyklusablauf und andere Merkmale der Lebensgeschichte sein (Desender 2000). Diese Faktoren beeinflussen den Ablauf vom Aufbau oder der Autolyse der Flugmuskulatur (Desender 1985). Nach Lindroth (1949), Den Boer et al. (1980) und Brandmayr (1983) ist die Ausbreitungskraft von Laufkäferarten hauptsächlich durch natürliche Selektion bestimmt, da Individuen, die die Population verlassen, Gene mit sich nehmen, die mit einer hohen Ausbreitungsfähigkeit assoziiert sind. Je stabiler das zu besiedelnde Habitat ist, umso mehr wird die Flügelgröße reduziert und die Fähigkeit eine Flugmuskulatur auszubilden sinkt.

Bei *Pogonus chalceus*, einer halobionten Laufkäferart, spiegelte der auftretende Flügeldimorphismus und die Flugmuskelausbildung die Historie der Untersuchungsstandorte und den Genfluss wider, der in diesen Populationen vorkam (Desender 1985). Die Kolonisation der belgischen Salzmarschen erfolgte durch fliegende Individuen. Nach erfolgreicher Besiedlung des Gebietes entstanden durch den Genfluss kürzer beflügelte Individuen, da die langflügligen Käfer die Population durch Abwanderung verlassen hatten. Mit diesen Individuen verschwand die genetische Information zur Ausbildung langflügliger Käfer. Die in älteren Populationen beobachtete Flügelreduktion bei dimorphen Laufkäferarten ist auf Migrationseffekte (Abwanderung geflügelter Individuen) als zugrunde liegende evolutionäre Mechanismen zurückzuführen. Auch an den beiden *Calathus*-Arten *C. cinctus* und *C. melanocephalus* zeigte Aukema (1995), dass der Flügeldimorphismus genetisch determiniert ist und die Expression von langflügligen Genotypen durch Umweltfaktoren und Nahrungsangebot beeinflusst wird. Die Ausbildung der Flugmuskulatur findet in einer der letzten Larvalphasen oder bei der frischen Imago statt.

In Deutschland tritt *Calathus erratus* überwiegend als kurz geflügelte Morphe auf. Bei den vorliegenden Untersuchungen an *Calathus erratus* wurden hohe Anteile makropterer Individuen (bis zu 39%, Tabelle 19), im Bereich der jungen Untersuchungsstandorte (ca. 14 Jahre nach Verkipfung) in der Bergbaufolgelandschaft Schlabendorf-Süd, ermittelt. Auf älteren Untersuchungsstandorten in den Bergbaufolgelandschaften und auf den Truppenübungsplätzen wurden keine geflügelten Individuen nachgewiesen. Auf dem Truppenübungsplatz Döberitzer Heide wurden nach Untersuchungen von Beier & Korge (2001), stets kurz geflügelte Individuen gefangen. Für die Niederlande und den Nordwesten Mitteleuropas wird *Calathus erratus* (Turin 2000) als makropter eingestuft. In Küstendünen in Belgien wurden ca. 1,5% geflügelte *Calathus erratus*-Individuen nachgewiesen (Desender 1996).

Für die Niederlande wurde die Hypothese aufgestellt, dass sich der Flügeldimorphismus bei *Calathus erratus* durch natürliche Selektion während der letzten 120 Jahre, durch die Stabilisierung der Habitatbedingungen, in ein Stadium mit abnehmender Häufigkeit von makropterer Individuen, entwickelt hat (Den Boer et al. 1980, Brandmayr 1983). In Südfinnland, an der nördlichen Ausbreitungsgrenze der Art, wurden von Palmén (1944) viele Individuen mit voll ausgebildeten Flügeln gefunden. Als Erklärung dieses Phänomens wurden sehr instabile Habitatbedingungen und ein möglicherweise noch aktives Besiedlungsgeschehen angeführt, das, ausgehend von weit entfernten Wanderdünen, die Einwanderung voll geflügelte Individuen in die Population ermöglichte (Lindroth 1949, den Boer et al. 1980). Bei der Besiedlung neuer Habitate ist die Möglichkeit der Ausbreitung durch aktives Fliegen von größerer Bedeutung (Palmén 1944, den Boer 1977, den Boer et al. 1980).

Brunk (2007), der faunistische Untersuchungen in den Bergbaufolgelandschaften und auf Truppenübungsplätzen in der Niederlausitz durchführte, kann hohe Anteile makropterer Individuen bei *Calathus erratus* im Bereich der jungen Bergbaufolgelandschaften bestätigen. Bei seinen Untersuchungen wies er nach, dass die Laufkäferarten, die mit den höchsten Abundanzen auf diesen Flächen auftraten (*Calathus erratus*, *Calathus melanocephalus*, *Calathus cinctus*, *Calathus fuscipes* und *Pterostichus niger*), Arten mit dimorpher Flügelausbildung sind. Bei *Calathus erratus* stellte er signifikant höhere Anteile makropterer *Calathus erratus*-Individuen in den Niederlausitzer Bergbaufolgelandschaften (3,7 bis 23,5% makroptere Individuen), als auf unverritzten Flächen z.B. auf Truppenübungsplätzen fest. Der Anteil makropterer Individuen nahm mit Zunahme des Alters der Bergbaufolgelandschaften (Zeit seit Verkipfung) deutlich ab (Abbildung 49).

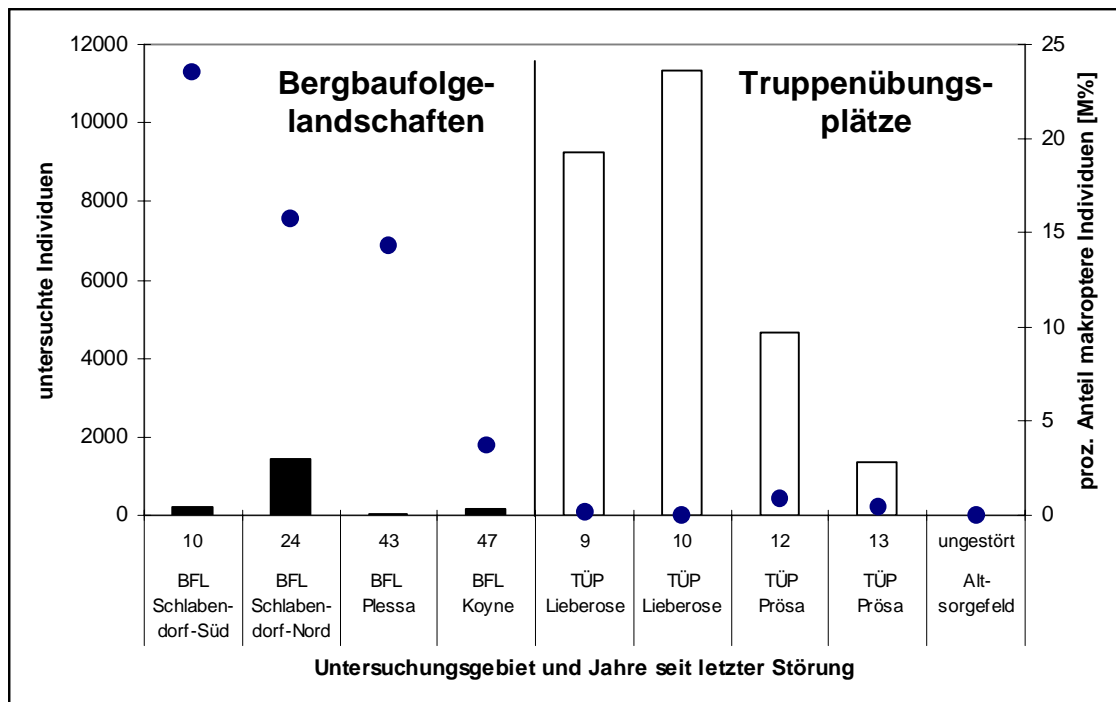


Abbildung 49: Untersuchte Individuen (Balken: Aktivitätsdichte auf diesen Untersuchungsflächen) und prozentualer Anteil an makropteren Individuen (M%, schwarze Punkte) von *Calathus erratus* in den Bergbaufolgelandschaften (schwarze Balken) und auf ehemaligen Truppenübungsplätzen (weiße Balken). Die Zahlen bezeichnen das Alter der Kippen bzw. die Zeit seit der letzten Störung. Leicht verändert nach Brunk (2007).

Für die jungen Bergbaufolgelandschaften der Niederlausitz kann durch den hohen Anteil voll geflügelter Individuen auf ein aktives Besiedlungsgeschehen geschlossen werden. Dabei kann es sich um Immigrationeffekte von *Calathus erratus*-Individuen in die neu zu besiedelnden Flächen handeln. Aber auch Emigrationseffekte von Individuen von den Flächen der jungen Bergbaufolgelandschaften sind möglich. Die vorherrschenden Umweltbedingungen auf den Flächen mit noch nicht optimalen Habitatbedingungen (z.B. junge Untersuchungsstandorte in Schlabendorf-Süd) stimulierten die Ausbildung makropterer Individuen mit funktionsfähiger Flugmuskulatur für Emigrationsprozesse. Auf noch jüngeren Untersuchungsstandorten in den Bergbaufolgelandschaften (z.B. der Tagebau Cottbus Nord, zwei Jahre nach Verkipfung) traten keine *Calathus erratus*-Individuen auf. Am zentralen Untersuchungsstandpunkt (cP) in der jungen Bergbaufolgelandschaft Schlabendorf-Süd wurden makropteren Individuen in zwei aufeinander folgenden Jahren (Tabelle 19 in Kapitel 3.1.3) gefangen.

Das Fehlen von makropteren Individuen auf älteren Untersuchungsstandorten, in den Bergbaufolgelandschaften und auf den Truppenübungsplätzen, belegte die Annahme, dass zum Untersuchungszeitpunkt im Bereich der jungen Bergbaufolgelandschaften ein aktives Besiedlungsgeschehen durch *Calathus erratus* vorlag. Diese Annahme wurde durch die Untersuchungen von Brunk (2007) gestützt. Er belegte, dass mit Zunahme des Kippenalters der Anteil der makropteren *Calathus erratus*-Individuen auf den Untersuchungsstandorten in der Bergbaufolgelandschaft abnahm (Abbildung 49).

Die *Calathus erratus*-Populationen der untersuchten Truppenübungsplätze bestehen sicherlich schon seit Entstehung dieser Flächen (mindestens 40-60 Jahre). Die sehr geringen Anteile makropterer *Calathus erratus*-Individuen (durchschnittlich 0,3%, Brunk 2007) in diesen Bereichen, können so interpretiert werden, dass die durch die militärische Nutzung gestörten Käferpopulationen sich direkt aus dem Artenpool der ungestörten Landschaftsbereiche der umgebenden Habitate auffüllen. Dies kann ohne Ausbildung langflüglicher flugfähiger Käferindividuen geschehen. In den Bergbaufolgelandschaften ist eine direkte Neubesiedlung notwendig.

Die hohe Anzahl geflügelter, potentiell flugfähiger Individuen im Bereich junger Bergbaufolgelandschaften spricht dafür, dass *Calathus erratus* größere Entfernungen überwinden kann. Besiedlungsereignisse durch *Calathus erratus* sind auch über größere geographische Entfernungen möglich, dabei kann eine Besiedlung von Gebieten durch Laufen, Fliegen oder als Luftplankton möglich sein.

Im Laufe der Sukzession vollzog sich im Hinblick auf die Flügelausbildung der Käfer innerhalb von Populationen eine tief greifende Veränderung. Hohen Anteile makropterer Individuen in Populationen der frühen Sukzessionsstadien wurden im Laufe der Zeit durch kurz geflügelte Individuen abgelöst. Auf älteren Flächen in den Bergbaufolgelandschaften (z.B. Schlabbendorf-Nord, Plessa), mit optimalen Habitatbedingungen für die Laufkäferart *Calathus erratus*, fanden kaum Immigrations- und Emigrationsprozesse statt. Die Entwicklung geflügelter Käfer wurde nicht ausgelöst. In Plessa wird es durch die fortschreitende Sukzession und die damit verbundene Änderung der Vegetationsstruktur (Entwicklung von Waldstadien) in den nächsten Jahren zu einer Verringerung der Populationsgröße von *Calathus erratus* kommen. Die Besiedlung geeigneter Standorte durch *Calathus erratus* findet in der Bergbaufolgelandschaft der Niederlausitz schnell auch durch geflügelte Individuen statt. Wenn sich die Habitatbedingungen stabilisiert haben, kommt es nur noch selten zur Ausbildung makropterer Individuen.

#### 4.3.7 Zusammenfassende Diskussion

Die vorliegenden Untersuchungen zur Populationsstruktur des Laufkäfers *Calathus erratus* belegten hohe genetische Diversitäten innerhalb der Käferpopulationen. Die genetische Diversitäten in den Populationen von Untersuchungsstandorten der Bergbaufolgelandschaften und Truppenübungsplätze unterschieden sich kaum. Unterschiede in der genetischen Struktur der Populationen von Habitaten mit Primär- oder Sekundärsukzession traten nicht auf. Auch Flaschenhals-Effekte (bottlenecks) mit einer verringerten genetischen Diversität in den Käferpopulationen wurden nicht bestätigt.

Die Käfer wiesen eine hohe Mobilität auf. Auch bei größeren geographischen Entfernungen (bis 120 km) zwischen den Untersuchungsstandorten waren kaum genetische Unterschiede zwischen den Populationen feststellbar. Eine isolation-by-distance wurde nicht nachgewiesen. Der Genfluss zwischen den Populationen ist hoch. Geographisch weiter auseinander liegende Käferpopulationen können auch durch Isolation und Driftereignisse beeinflusst sein. Diese Erkenntnisse decken sich mit den Ergebnissen von Untersuchungen an andern mobilen Lauf-

käferarten (z.B. *Carabus nemoralis* Brouat et al. 2003, *Abax ater* Desender et al. 2005, *Pogonus chaldeus* Dhyvetter et al. 2005a, *Poecilus versicolor* Sander et al. 2006b).

Besonders die hohen Anteile makropterer *Calathus erratus*-Individuen, die im Bereich der jungen Bergbaufolgelandschaftsflächen auch von Brunk (2007) nachgewiesen wurden, belegten ein aktives Besiedlungsgeschehen in diesen Landschaftsbereichen, das sowohl durch Emigrations- als auch durch Immigrationsprozesse zu erklären ist. Die Besiedlung gestörter Gebieten erfolgte zügig aus den umgebenden Habitaten, sobald auf den Flächen geeignete Habitatbedingungen vorliegen. Es wurden hohe Individuenanzahlen erreicht (Abbildung 49, Brunk 2007). Das Überwinden größerer geographischer Entfernungen durch die Käfer ist möglich.

Die Entwicklung der Sukzession von Laufkäferzönosen war nicht vom Alter der Untersuchungsstandorte abhängig, sondern von Standortfaktoren, wie Vegetation und anderen strukturellen Komponenten. Die fortschreitende Sukzession in den Bergbaufolgelandschaften und auf den Truppenübungsplätzen wird mit einem Verlust an Offenlandstandorten einhergehen. Dadurch, dass die Laufkäferart *Calathus erratus* ein großes Habitatspektrum aufweist (Vorkommen auch im Bereich von Ruderalfluren), hat sie eine hohe Überlebenswahrscheinlichkeit in diesen Landschaften.

## 4.4 *Labidura riparia*

### 4.4.1 Methodendiskussion Mikrosatelliten

In der zweiten Fallstudie wurde die genetische Diversität von Populationen des Sandohrwurmes *Labidura riparia* auf gestörten und natürlichen ungestörten Offenlandstandorten mit Mikrosatelliten untersucht.

Mikrosatelliten sind hoch variable neutrale Marker, welche über das gesamte Genom verteilt sind (Goldstein & Schlötterer 1999). Sie weisen Tandem-Wiederholungen kurzer Sequenz-Motive auf. Durch ihre Lage auf nicht-kodierenden Abschnitten der DNA (neutrale Marker, Chambers & MacAvoy 2000) unterliegen Mikrosatelliten nicht der Selektion. Mit ihnen können Informationen über das Vorhandensein homo- und heterozygoter Merkmale in den Populationen ermittelt werden. Das Abschätzen von Allel-Häufigkeiten ist mit diesen Markern möglich. Durch ihre hohe Abundanz und die Variabilität der Loci im Genom sind Mikrosatelliten besonders populäre Marker bei Insekten-Studien (Behra 2006). Für Untersuchungen kleinräumiger Differenzierungen sind sie gut geeignet (Jarne & Lagoda 1996, Goldstein & Schlötterer 1999, Chambers & MacAvoy 2000), da mit ihnen eine Analyse von Verwandtschaftsverhältnissen eng verwandter Populationen und die Abschätzung kleinräumiger Genflüsse möglich sind (Queller et al. 1993, Goldstein & Schlötterer 1999, Sunnucks 2000). Die Anzahl an verfügbaren Mikrosatelliten-Markern variiert stark zwischen einzelnen Taxa, auch bei Insekten-Arten (Megléc et al. 2007). Mikrosatelliten sind artspezifische molekulare Marker. Für den Sandohrwurm lagen zu Beginn der Studie noch keine Mikrosatelliten vor, sie wurden neu synthetisiert (Gueth & Durka 2006).

Die Verwendung von Mikrosatelliten, als Marker bei genetischen Untersuchungen an verschiedenen Organismengruppen, wurde anhand der Zeitschrift „Molecular Ecology“ (Blackwell Publishing) analysiert. Im Jahrgang 2006 dieser Zeitschrift wurden überdurchschnittlich viele Analysen an Tierarten mittels Mikrosatelliten publiziert ( $n = 124$ , Pflanzen = 19,4%, Tiere = 71,8%). Fast 10% der veröffentlichten Arbeiten mit Mikrosatelliten als molekularen Markern wurden an Insekten durchgeführt. Trotz ihrer gestiegenen Popularität, auch bei Studien an Insekten, stellen Mikrosatelliten immer noch nicht das Hauptmarkersystem in der Entomologie dar. Die Analyse mitochondriale DNA-Marker (mtDNA, Behura 2006) dominiert weiterhin. In der Anfangsphase der Entwicklung sind die Kosten von Mikrosatelliten-Analysen höher als bei AFLP-Markern. Bei ökologischen Populationsstudien, die eine höhere Anzahl an Genotypen für aussagekräftige statistische Analysen benötigen, werden die höheren Kosten für die Mikrosatellitenentwicklung in Kauf genommen. Populationsgenetische Analysen mit Mikrosatelliten an Insekten wurden z.B. an Libellen (Watts et al. 2006), Hummeln (Darvill et al. 2006) und Käfern (Sallé et al. 2007) durchgeführt.

#### 4.4.2 Diskussion genetische Analysen an *Labidura riparia*

Die durch Anfütterung im Gelände mit Lebendfallen gefangenen Sandohrwürmer wurden lebendig zur Lagerung in flüssigen Stickstoff gegeben. Dort verblieben sie bis zur DNA-Extraktion. Da für die genetischen Analysen Mikrosatelliten als molekulare Marker verwendet wurden, war es nach Voruntersuchungen mit andern Extraktionsmethoden möglich, die DNA aus einem Bein je Individuum mit einer 5% Chelex-Lösung (Estrop et al. 1996) freizusetzen. Diese Methode ist sehr kostengünstig und ermöglicht einen hohen Probendurchsatz. Signifikante Abhängigkeiten zwischen der Anzahl der untersuchten Individuen pro Untersuchungsstandort (zwischen 18 und 38 Individuen) und der genetischen Diversität der *Labidura riparia*-Populationen wurden nicht nachgewiesen. Mit den neun verwendeten neu entwickelten Mikrosatelliten (Gueth & Durka 2006) wurden 539 Sandohrwurm-Individuen aus Deutschland und 96 Individuen aus anderen Ländern untersucht.

#### 4.4.3 Genetische Analysen an Ohrwürmern

Ohrwürmer sind eine kosmopolitisch verbreitete Ordnung der Insekten, über deren phylogenetische Verwandtschaft bisher wenig bekannt ist. Analysen an ribosomalen DNA-Sequenzen ergeben, dass sich die Unterordnungen der Chelisochidae, Forficulidae, Anisolabididae und Labiduridae, zu denen auch der Sandohrwurm *Labidura riparia* gehört, monophyletisch entwickelt haben (Jarvis et al. 2005).

Seit Mitte des letzten Jahrhunderts wurde der Sandohrwurm in der Lausitzer Bergbaufolgelandschaft nachgewiesen (Jordan 1957, Donath 1988). *Labidura riparia* ist nahezu weltweit verbreitet (Albouy & Caussanel 1990, Steinmann 1993). Allerdings weisen die Tiere aus verschiedenen Regionen unterschiedliche Karyotypen auf (Giles & Webb 1972, Kuznetsova 1979, Albouy & Caussanel 1990, Avancini et al. 1999). Der Karyotyp kann  $2n = 12$  (Sibirien, USA, Spanien) oder auch  $2n = 14$  (Japan, Neu Guinea) annehmen. In Indien treten beide Varianten auf und bereits in Frankreich ist der Karyotyp der Sandohrwürmer uneinheitlich (Al-

bouy & Caussanel 1990). Der in Australien auftretende *Labidura truncata* (Kirby 1903) ist dem Sandohrwurm morphologisch sehr ähnlich, ist aber durch eine Karyotypenanalyse eindeutig von ihm zu trennen (*Labidura riparia*  $2n > 12$ , *Labidura truncata*  $2n = 10$ , Giles & Webb 1972, Kuznetsova 1978).

An *Labidura riparia* wurden verschiedene verhaltensbiologische Untersuchungen durchgeführt. Dabei wird z.B. festgestellt, dass Sandohrwürmer zufällig verteilt vorkommen und keine Tendenzen zu geklumptem oder isolierten Auftreten aufweisen (Sauphanor & Sureau 1993). Männliche Tiere besitzen zwei Penisse, von denen sie nur den rechten zur Fortpflanzung verwenden (Kamimura 2006). Weiterhin treten fluktuierende Asymmetrien in der Zangenlänge der Männchen auf (Tomkins & Simmons 1996).

#### 4.4.4 Populationsstrukturierung

Genetische Untersuchungen am Sandohrwurm sind aus dem europäischen Raum nicht bekannt. Es gibt einige Studien an anderen Ohrwurm-Arten, die die genetische Populationsstruktur untersuchen. Für *Forficula auricularia* liegen Mikrosatelliten vor (Guillet & Deunff 2000). Untersuchungen am Cytochrom-Oxidase-Gen belegen, dass die Evolution der Forficula-DNA schnell erfolgt (Wirth et. al. 1999).

Eine der wenigen populationsgenetischen Untersuchungen an Ohrwürmern erfolgte an *Forficula auricularia*. Die untersuchten Tiere stammten aus einer Kontaktzone zweier *Forficula*-Subspezies in den Pyrenäen (Guillet et al. 2000). Sie unterscheiden sich in ihrer Lebensgeschichte und Genetik. Abhängig von der Höhenlage der Untersuchungsstandorte kommt jeweils nur eine Subspezies vor. Hybriden beider Subspezies treten nicht auf und werden durch das Vorhandensein einer postzygotischen Barriere erklärt. Die genetische Distanz zwischen den einzelnen *Forficula*-Populationen, der geographisch kleinräumig voneinander entfernten Untersuchungsstandorte, war sehr gering ( $F_{st} = 0,04$ ).

Am Sandohrwurm *Labidura riparia* wurden im Rahmen der vorliegenden Arbeit genetische Untersuchungen zur Populationsstruktur in gestörten Offenlandbereichen vorgenommen. Die Ergebnisse der Untersuchung belegten, dass Sandohrwürmer größere Entfernungen überwinden können. Ähnlich wie bei den Untersuchungen an *Calathus erratus* wurde für den Sandohrwurm eine hohe Mobilität nachgewiesen. Alle untersuchten Sandohrwürmer aus Deutschland wiesen ein unterschiedliches Bandenmuster auf. Die 21 mit Mikrosatelliten untersuchten Sandohrwurmpopulationen zeigten eine hohe genetische Diversität. Die ermittelten Werte der beobachtete Heterozygotie ( $H_o$ ) waren in allen untersuchten Ohrwurmpopulationen der Untersuchungsstandorte geringer als die erwartete Heterozygotie ( $H_e$  - Gen-Diversität). Dies lässt auf einen Heterozygotenmangel in diesen Populationen schließen. 15 Populationen waren nicht im Hardy-Weinberg-Gleichgewicht.

Die untersuchten Sandohrwurmpopulationen von Sekundärhabitaten (Bergbaufolgelandschaften, ehemalige Truppenübungsplätze) wiesen eine signifikant höhere Allelzahl und eine höher Gen-Diversität auf, als die Populationen primärer Küsten- oder Dünenhabitats. Die *Labidura riparia*-Populationen von Bergbaufolgelandschaften und den ehemaligen Truppen-

übungsplätzen zeichneten sich durch hohe Populationsgrößen aus. Hier sind aktive Austauschprozesse mit umgebenden Sandohrwurmpopulationen möglich. Bottleneck-Effekte mit genetischer Verarmung traten nicht auf. Eine genetische Verarmung der Sekundärhabitatspopulationen bestätigte sich nicht. Das Flächenalter (Zeit seit Verkipfung), oder der Sukzessionstyp (Bergbaufolgeflächen mit Primärsukzession, Truppenübungsplätze mit Sekundärsukzession) hatten keinen nachweisbaren Einfluss auf die genetische Diversität der Sandohrwurmpopulationen.

Die Sandohrwurmpopulationen sind gering differenziert. Dies lässt auf hohe Austauschraten zwischen den Populationen schließen. In der Populationsstruktur der *Labidura riparia*-Populationen zwischen Küsten- und Binnenstandorten sowie zwischen Primärhabitaten (Küste, Binnendüne) und Sekundärhabitaten (Bergbaufolgelandschaften, Truppenübungsplätze) wurden signifikante genetische Unterschiede festgestellt. Die genetischen Distanzen der Sandohrwurmpopulationen untereinander waren mit  $F_{st} = 0,079$  höher als die genetische Entfernung der Käferpopulationen aus der Studie an *Calathus erratus*. Hierbei könnten die geographischen Entfernungen der Untersuchungsstandorte, mit z.B. 380 km (Sondershausen-Hiddensee), bzw. 300 km (Schlabendorf-Hiddensee), zwischen den untersuchten Sandohrwurmpopulationen eine Rolle spielen. Die Käferpopulationen wiesen maximale Entfernungen von 120 km auf.

Im Gegensatz zur Käferstudie war für die untersuchten Sandohrwurmpopulationen eine isolation-by-distance nachweisbar (Abbildung 35). Die genetische Distanz zwischen den Sandohrwurmpopulationen stieg mit Zunahme der geographischen Entfernung zwischen den Populationen deutlich an. Geographisch näher beieinander liegende *Labidura riparia*-Populationen waren sich genetisch ähnlicher, als entfernte (und damit isolierte) Populationen. Besonders zwischen weit auseinander liegenden Populationen (über 300 km) gab es Einschränkungen im Genfluss zwischen den Populationen.

Einige Allele fehlten in den Sandohrwurmpopulationen aus der Küstenregion. Besonders im Consensus-Dendrogramm (Abbildung 38) wurden die Sandohrwurmpopulationen der Küstenregion zusammen mit den Individuen aus dem Binnendünenbereich den Sandohrwurmpopulationen der Bergbaufolgelandschaften und der Truppenübungsplätze gegenübergestellt. Die Sandohrwürmer der Küste sind räumlich und genetisch von den Binnenpopulationen separiert, sie bewohnen kleinflächigere Habitate. Genetische Unterschiede zwischen *Labidura riparia*-Individuen von Truppenübungsplätzen und Bergbaufolgelandschaften wurden kaum deutlich. Eine bayesische Analyse teilte die untersuchten Sandohrwurmpopulationen in zwei Gruppen: die Küstenpopulationen und die Populationen des Festlands.

Für das Besiedlungsgeschehen der Lausitz konnte festgestellt werden, dass die Sandohrwürmer, mit großer Sicherheit nicht von Hiddensee oder der Küste stammen. Die Besiedlung erfolgte wahrscheinlich von der in der Nähe von Dömitz am Elbufer gelegenen Binnendüne. Die gegenüber der Käferstudie ermittelten höheren genetischen Distanzen zwischen den Sandohrwurmpopulationen können durch eine größere genetische Isolation der Insel- und Küstenpopulationen voneinander erklärt werden. Für die Lausitz ist kein einzelnes Besiedlungsereignis durch *Labidura riparia* anzunehmen. Es fand eine kontinuierliche Immigration



von Individuen statt, bzw. findet immer noch statt. Die Offenflächen der Bergbaufolgelandschaften und der Truppenübungsplätze, auf denen der Sandohrwurm rezent auftritt, können als Ausgangshabitate für die Kolonisation neuer Habitate in der Lausitz dienen.

Sandige Sekundärhabitate, wie Bergbaufolgelandschaften und Truppenübungsplätze in der Lausitz, haben eine wichtige Funktion als Lebensraum für *Labidura riparia* in Zentraleuropa. Die Großflächigkeit dieser Gebiete ist hierbei von besonderer Bedeutung als Refugialraum. Die Küstenhabitate sind klein und separiert, so dass die dort etablierten Sandohrwurmpopulationen weniger Individuen umfassen und durch lokale Katastrophenereignisse gefährdet sind. Die fortschreitende Sukzession führt auf den Flächen der Bergbaufolgelandschaften und den Truppenübungsplätzen dazu, dass *Labidura riparia*, als Pionierart der offenen Sandbereiche, auch auf diesen Flächen gefährdet ist. Die Offenhaltung von Sandflächen ist für die Aufrechterhaltung von Lebensräumen für diese Rote Liste Art wünschenswert und erforderlich.

#### **4.4.5 Populationsstrukturierung bei Sandohrwurmpopulationen aus dem Ausland**

Da die Möglichkeit bestand, Tiere aus dem Ausland zu erhalten, wurden Individuen des kosmopolitischen Sandohrwurmes aus Frankreich, Gran Canaria, aus Japan und dem Sudan mit in die Untersuchungen einbezogen. Schon im geographisch nahe gelegenen Frankreich sind viele Marker nicht polymorph oder nicht vorhanden. Die Gen-Diversitäten der Individuen aus den verschiedenen Ländern schwankten stark, die Allel-Anzahlen nahmen mittlere Werte ein.

Die deutschen Populationen wurden im Dendrogramm denen der übrigen Länder gegenübergestellt. Es wurde eine größere genetische Distanz zwischen Sandohrwürmern aus Deutschland und den ausländischen Populationen, als zwischen den deutschen Populationen festgestellt. Die deutschen Sandohrwurmpopulationen waren signifikant von den ausländischen verschieden. Das Phänogramm (Abbildung 43) und die bayesische Analyse (Abbildung 45) bestätigen eine klare Trennung der Ohrwurmpopulationen nach ihren Herkunftsländern. Bei der Interpretation der Ergebnisse ist zu beachten, dass Tiere aus verschiedenen biogeographischen Regionen unterschiedliche Karyotypen aufweisen (Kuznetsova 1979, Albouy & Causanel 1990). Zu beachten ist außerdem die Anzahl der untersuchten Individuen je Untersuchungsstandort. Ein Vergleich der genetischen Ergebnisse der untersuchten Sandohrpopulationen der einzelnen Länder erwies sich daher als schwierig. Es traten große genetische Unterschiede zwischen geographisch weit entfernten Populationen auf.

#### **4.4.6 Biogeographische Rückschlüsse**

Bei *Labidura riparia* handelt es sich um eine erdgeschichtlich sehr alte Art, die sich während der Eiszeiten in Europa nach Ost- und Südwesteuropa zurückzog (Weidner 1941). Nach Abschmelzen des Eises standen der Art ausgehend, von ihrem Refugialraum südlich der Alpen, zwei Besiedlungswege nach Norden offen. Harz (1957), Müller-Motzfeld (1990) und Adis & Junk (2002) postulieren, dass der Sandohrwurm aus dem Südosten entlang der Urstromtäler in Richtung Norddeutschland gewanderte und auf diesem Weg geeignete Habitate auf Dünen

und in Küstenbereichen besiedelte. Währenddessen wurden die Gebiete Frankreichs und Spaniens aus den südwestlich gelegenen Rückzugsgebieten wiederbesiedelt. Zwischen den westlichen Populationen in Frankreich und den östlichen Sandohrwurmpopulationen in Deutschland würde nach dieser Vorstellung, seit dem Ende der letzten Eiszeit (seit über 10000 Jahren) kein Kontakt und damit kein genetischer Austausch mehr bestehen.

Die Ursache der großen genetischen Unterschiede, die sich z.B. im Fehlen mehrerer polymorpher Mikrosatelliten-Loci in der untersuchten französischen Population zeigt, könnte in diesen eiszeitlichen Entwicklungen gesucht werden.

#### 4.4.7 Flügelausbildung bei *Labidura riparia*

Obwohl bei *Labidura riparia* ein Flügeldimorphismus nachgewiesen ist (Matzke 1997), zeigen alle untersuchten Sandohrwurm-Individuen voll ausgebildete Flügel.

Die Ergebnisse der genetischen Analysen mit einer hohen genetischen Diversität der Populationen und relativ geringen genetischen Distanzen zwischen den Populationen auch bei größeren geographischen Entfernungen belegen, dass größere Entfernungen überwunden werden können. Obwohl Flugnachweise und Flugbeobachtungen in der vorliegenden Untersuchung nicht erbracht wurden, wird ein Flugvermögen (Kleinow 1966, Gross & Spink 1971, Kleinow 1971, Matzke 1995b) und eine damit verbundene hohe Mobilität bei *Labidura riparia* als sehr wahrscheinlich angesehen.

#### 4.4.8 Zusammenfassende Diskussion

Sekundärhabitats, wie Bergbaufolgelandschaften der Lausitz, erwiesen sich als optimale Habitate für den Sandohrwurm *Labidura riparia* (Pallas 1773, Dermaptera). Flaschenhals-Effekte (bottlenecks) traten in den untersuchten Populationen sowohl in den Bergbaufolgelandschaften als auch auf den Truppenübungsplätzen nicht auf. Die Studie belegte, dass die Sandohrwurmpopulationen dieser Gebiete eine höhere Gen-Diversität und Allelzahl aufweisen, als die Populationen der Untersuchungsstandorte an der Küste und auf der Binnendüne. Ein Einfluss des Flächenalters oder Sukzessionstyps auf die Gen-Diversität der Populationen war nicht feststellbar.

Die große genetische Ähnlichkeit zwischen den Sandohrwurmpopulationen, auch bei größeren geographischen Entfernungen zwischen den Untersuchungsstandorten, belegte die Mobilität der *Labidura riparia*-Individuen. Die Ähnlichkeit nahm mit zunehmender geographischer Entfernung ab, so dass im Gegensatz zu den untersuchten Käferpopulationen eine isolation-by-distance festgestellt wurde. Es zeigte sich eine signifikante genetische Differenzierung zwischen den Sandohrwurmpopulationen der beiden Primärhabitats Küste und Binnendüne und den Sandohrwurmpopulationen der Sekundärhabitats Bergbaufolgelandschaften und Truppenübungsplätze. Die Sandohrwurmindividuen der Sekundärhabitats wiesen dabei eine höhere Ähnlichkeit mit den Individuen der Binnendüne auf.

Die die Lausitz besiedelnden Sandohrwürmer stammen mit großer Sicherheit nicht von Küstenpopulationen ab. Die Besiedlung der Lausitz durch *Labidura riparia* erfolgte wahrscheinlich ausgehend von der Binnendüne in Dömitz. *Labidura riparia* kann größere Entfernungen überwinden. Aus der Literatur sind Flugnachweise bekannt.

Das Vorkommen von Sandohrwürmern in den Bergbaufolgelandschaften ist, ebenso wie bei *Calathus erratus*, von Standortfaktoren, wie Vegetation und anderen strukturellen Komponenten abhängig. Sind geeignete Habitate mit den entsprechenden Standortbedingungen in der Landschaft vorhanden ist eine Besiedlung dieser Gebiete möglich.

Sandige Sekundärhabitate wie Bergbaufolgelandschaften und Truppenübungsplätze in der Lausitz haben eine wichtige Funktion als Lebensraum für *Labidura riparia* in Zentraleuropa. Durch ihre hohe Individuenzahl und hohe genetische Variabilität können die Sandohrwurmpopulationen der Niederlausitzer Bergbaufolgelandschaften als Ausgangshabitate für weitere Kolonisationsprozesse dienen. Sie stellen bedeutende, schutzwürdige Refugialräume für diese in anderen Gebieten sehr seltene Art dar. *Labidura riparia* ist auf natürliche Habitate und anthropogen geschaffene Sekundärstandorte zur Aufrechterhaltung seiner Populationen angewiesen. Mit einem mit fortschreitender Sukzession verbundenen Verlust von strukturell geeigneten Offenlandflächen wird das Überleben des Sandohrwurmes in diesen Landschaften erschwert, bzw. auf Dauer nicht mehr möglich sein.

Den Nutzern und Eigentümern der noch vorhandenen Offenlandflächen in der Lausitz ist die Wichtigkeit ihrer Flächen für den Arten- und Biotopschutz zu vermitteln. Die Offenhaltung von Sandflächen ist für die Aufrechterhaltung von Lebensräumen besonders für Pionierarten wichtig und wünschenswert.

#### 4.5 Forschungslücken

Die vorliegende Untersuchung an *Calathus erratus* bestätigte die Ergebnisse, von Studien an mobilen Laufkäferarten in fragmentierten Landschaften aus den letzten Jahren. Besonders der Nachweis hoher Anteile geflügelter Käfer im Bereich junger Bergbaufolgelandschaften ermöglicht Einblicke in das aktive Besiedlungsgeschehen. Weiterführende Untersuchungen an dieser Art, unter Einbeziehung von Untersuchungsstandorten in ungestörten Landschaftsbereichen, können zusätzliche differenziertere Aussagen zum Besiedlungsgeschehen ermöglichen.

Die Populationsstrukturuntersuchungen am Sandohrwurm *Labidura riparia* erbrachten neue Erkenntnisse zur Biogeographie der Art. Ein Glazialrelikt, die Binnendüne bei Dömitz ist mit hoher Wahrscheinlichkeit das Ausgangshabitat für die Besiedlung der Bergbaufolgelandschaften der Lausitz.

Populationsgenetische Untersuchungen an *Labidura riparia* wurden bisher nicht durchgeführt. Die für diese Art entwickelten Mikrosatelliten ermöglichen nun vielfältige Ansatzpunkte. Zukünftige genetische Untersuchungen zur Biogeographie des Sandohrwurmes sollten auf

Osteuropa ausgeweitet werden. Im Rahmen der vorliegenden Untersuchung standen keine Tiere aus diesem Gebiet zur Verfügung.

## 4.6 Ausblick

Die Forschungen im Bereich Landschaftsökologie entwickeln sich zurzeit verstärkt in Richtung „Landscape Genetics“. Unter diesem Begriff werden die Studien zusammengefasst, die populationsgenetische Daten mit Daten zur Landschaftskomposition und -konfiguration (inklusive der Matrixqualität) kombinieren (Holderegger & Wagner 2006). Hierbei nimmt die Landschaft mit ihrer Komposition, räumlichen Konfiguration und Dynamik einen genauso hohen Stellenwert ein, wie die Genetik (Holderegger & Wagner 2006). Durch diese Form der Untersuchungen werden Ergebnisse erzielt, die realistischere Aussagen ermöglichen und natürliche Prozesse genauer widerspiegeln. Indem Analysen zur Landschaftsstrukturen mit populationsgenetischen Analysen verschnitten werden, ist es möglich, Prozesse in realen Landschaften zu quantifizieren (Manel et al. 2003). Als Ziel wird das Aufstellen „landschaftsgenetischer“ Theorien angesehen, die auf verschiedene Spezies übertragen werden können.

Zur Zeit werden, wie auch im Rahmen dieser Arbeit, überwiegend Fallstudien an einigen wenigen Tier- und Pflanzenarten bearbeitet, die aber kaum auf andere Systeme oder Arten übertragen werden können. Analysen sollten prozessorientierter unter Einbeziehung der Qualität der Landschaft erfolgen (Holderegger et al. 2007). Erste landschaftsgenetische Studien an Insekten, z.B. von einer Grillen-Art (Holzhauer et al. 2006), liegen vor.

Die Landschaft benötigt Zeit, um sichtbare Effekte in der genetischen Struktur von Population aufbauen zu können (Holzhauer et al. 2006). Der Nachweis dieses Effektes wird erschwert, wenn sich die Landschaft schneller verändert, als sich die genetische Struktur der Population an diese Änderungen anpassen kann. Landschaftsgenetik ermöglicht es durch die Analyse genetischer und landschaftsökologischer Daten abzuschätzen, wie Prozesse in der Natur tatsächlich ablaufen.

## 5 Zusammenfassung und Summary

### Zusammenfassung

Im Rahmen der vorliegenden Arbeit wurden an zwei Insektenarten, dem Laufkäfer *Calathus erratus* (Sahlberg 1827) und dem Sandohrwurm *Labidura riparia* (Pallas 1773), Untersuchungen zur genetischen Diversität und Populationsstruktur durchgeführt, um Rückschlüsse auf die Entwicklung der genetischen Variabilität in gestörten und fragmentierten Landschaften zu ziehen. Auch Aussagen über das Besiedlungsgeschehen in der Lausitz wurden getroffen.

Dabei wurden *Calathus erratus*-Individuen von 13 Untersuchungsstandorten in Bergbaufolgelandschaften und von ehemaligen Truppenübungsplätzen populationsgenetisch mittels Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLP) untersucht. Bei *Labidura riparia* erfolgten populationsgenetischen Untersuchungen an 21 Populationen. Hier wurden Sekundärhabitats (Bergbaufolgelandschaften, ehemalige Truppenübungsplätze und eine Kalihalde) sowie Primärhabitats (Ostseeküste, Binnendüne) beprobt. Als molekulares Markersystem kamen Mikrosatelliten zum Einsatz.

Es wurde gezeigt, dass Insekten als Pionierbesiedler relativ schnell großflächige, gestörte Offenlandbereiche im Gebiet der Lausitz besiedeln können. Der Sukzessionstyp (Primär- oder Sekundärsukzession), sowie das Alter der Flächen seit Beendigung des Störungsvorganges, spielten dabei nur eine untergeordnete Rolle. Wichtig für den Besiedlungsprozess ist das Vorhandensein geeigneter Habitatbedingungen, welche besonders durch Standortfaktoren wie Vegetation und anderen strukturellen Komponenten beeinflusst werden. Bei beiden Arten, dem Laufkäfer *Calathus erratus* und dem Sandohrwurm *Labidura riparia*, wurden hohe Gen-Diversitäten und eine starke genetische Ähnlichkeit der Populationen auch über größere geographische Entfernungen hinweg festgestellt. Mit hoher Wahrscheinlichkeit fand bei beiden Untersuchungsarten im Gebiet der Lausitz kein einzelnes Besiedlungseignis, sondern eine kontinuierliche Immigration von Individuen statt, bzw. findet immer noch statt. Flächen der Bergbaufolgelandschaften und der Truppenübungsplätze, auf denen die Arten rezent auftreten, können als Ausgangshabitats für die Kolonisation neuer Habitats in der Lausitz dienen.

Beide Arten weisen eine hohe Mobilität auf. So waren alle untersuchten Sandohrwürmer geflügelt. Es ist von einem Flugvermögen auszugehen. Für die Laufkäferart *Calathus erratus* wurde ein hoher Anteil makropterer Individuen überwiegend auf jungen Untersuchungsflächen in der Bergbaufolgelandschaft nachgewiesen und damit ein aktiver Kolonisationsprozess dokumentiert.

Weiterhin wiesen beide Arten eine geringe, auf eine räumliche Populationsstruktur zurückzuführende Populationsdifferenzierung auf. Bei *Labidura riparia* wurde, im Gegensatz zu *Calathus erratus*, eine räumliche Populationsstruktur festgestellt, die dem isolation-by-distance Modell folgte. Die Sandohrwurmpopulationen der Untersuchungsstandorte der Küste unter-

schieden sich genetisch von den Festlandspopulationen. Als Ausgangspunkt der Besiedlung der Bergbaufolgelandschaften diene mit hoher Wahrscheinlichkeit die Binnendüne bei Dömitz. Die Kolonisation der Offenstandorte der Lausitz durch *Calathus erratus* und *Labidura riparia* erfolgte auch aus umgebenden Habitaten.

Bergbaufolgelandschaften und ehemalige Truppenübungsplätze verfügen über eine wichtige Habitatfunktion für Tierarten, die auf offene, sandige Habitate angewiesen sind. Diese Standorte sind besonders wegen ihrer Großflächigkeit als Refugialräume geeignet. Mit fortschreitender Sukzession wird sich der Anteil von Offenlandflächen in den Bergbaufolgelandschaften und auf Truppenübungsplätzen verringern. Während der Laufkäfer *Calathus erratus* durch sein breiteres Habitatspektrum auch im Bereich von Ruderalfluren eine hohe Überlebenswahrscheinlichkeit hat, ist der Sandohrwurm *Labidura riparia* auf bestehende natürliche Standorte und anthropogen geschaffene Sekundärstandorte angewiesen. Beide Insektenarten sind jedoch in der Lage, eventuell neu entstehende Habitate zu besiedeln.

## Summary

Within the framework of this thesis, I carried out molecular investigations of genetic variation and population structure of two insect species, the ground beetle *Calathus erratus* and the earwig *Labidura riparia*, to confirm the development of genetic variability in disturbed and fragmented landscapes. Also statements on colonisation of the insect species in Lusatia have been made.

Investigations of population genetics of *Calathus erratus* were carried out on 13 sites in post-mining landscapes and former military training areas applying Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLP) method. In total, 21 populations of *Labidura riparia* were investigated. Populations from secondary habitats (post-mining landscape, former military training areas and a potassic heap) and primary habitats (coast of Baltic Sea, inland dune) were included. Microsatellites were used as a molecular marker system.

It was demonstrated that insects quickly colonise large disturbed open-landscapes in Lusatia. Succession type (primary or secondary succession) and age of sampling sites (time since dumping) were of less importance for colonisation. On the other hand, suitable habitat conditions, for instance sparse vegetation and structural components, are important for the colonisation process. For the ground beetle *Calathus erratus* and the earwig *Labidura riparia*, high gene-diversity and low genetic differentiation among populations were found, also over larger geographical distances. For both species the data suggest that there was no single colonisation event, but continuous immigration of individuals.

The post-mining landscape itself and former military training areas with current populations of the species can have served as sources for colonisation of new habitats in Lusatia. Both species are highly mobile. All sand-earwigs were winged, thus flight ability can be assumed. For beetle species *Calathus erratus* large proportions of winged individuals were found on young investigation sites in the post-mining landscape.

Both species show only weak differentiation among the populations. In contrast to *Calathus erratus* in *Labidura riparia* an isolation-by-distance pattern was found. The earwig populations from coastal sites were genetically differentiated from mainland populations.

Colonisation of post-mining landscape by *Labidura riparia* started obviously from an inland-dune near Dömitz. Colonisation of Lusatia by *Calathus erratus* and *Labidura riparia* took place from surrounding habitats.

Post-mining landscapes and former military training areas are important habitats for species mainly restricted to open sandy landscapes. The significance of the habitats as refuge sites is especially due to the comparatively huge size of the landscape. With ongoing succession the amount of open land areas in post-mining landscapes and former military training areas will decrease, making the habitat unsuitable for these species. The ground beetle *Calathus erratus* is able to use also ruderal sites as habitats, the earwig *Labidura riparia* is reliant on natural and secondary sites created by man. However, both species are able to colonise new developing habitats.

## 6 Literaturverzeichnis und Verzeichnis der Analyseprogramme

### 6.1 Literaturverzeichnis

- Adis, J. & W. J. Junk (2002) Terrestrial invertebrates inhabiting lowland river floodplains of Central Amazonia and Central Europe: a review, *Freshwater Biology*, 47: 711-731.
- Albouy, V. & C. Caussanel (1990) *Faune de France: Dermaptères ou Perce-Oreilles*, Paris, 245pp.
- Amos, W. & A. Balford (2001) When does conservation genetic matter? *Heredity*, 87: 257-265.
- Anders, K. & L. Fischer (2007) Kolonisierung schafft Landschaft. Spielräume für Politik und Planung bei der Gestaltung großflächigen Nutzungswandels, in: Wöllecke, J., Anders, K., Durka, W., Elmer, M., Wanner, M. & G. Wiegler (Hrsg.) *Landschaft im Wandel - Natürliche und anthropogene Besiedlung der Niederlausitzer Bergbaufolgelandschaft*, Shaker-Verlag, Aachen, 249-282.
- Anders, K., Mrzljak, J., Wallschläger, D. & G. Wiegler (2004) *Handbuch Offenlandmanagement am Beispiel ehemaliger und in Nutzung befindlicher Truppenübungsplätze*, Springer-Verlag, Heidelberg, 320pp.
- Ås, S. (1984) To fly or not to fly? Colonization of Baltic islands by winged and wingless carabid beetles, *Journal of Biogeography*, 11: 413-426.
- Assmann, T. (1998) Bedeutung der Kontinuität von Lebensräumen für den Naturschutz - Untersuchungen an waldbewohnenden Laufkäfern (Coleoptera, Carabidae) mit Beispielen für methodische Ergänzungen zur Langzeitforschung, *Schriftenreihe Landschaftspflege Naturschutz*, 58: 191-226.
- Aukema, B. (1995) *Flying for life - wingdimorphism in closely related species of the genus Calathus (Coleoptera: Carabidae)*, Thesis Wageningen, 168pp.
- Avancini, R. M. P., Recco-Pimentel, S. M., Prado, A. & P. Angelo (2000) *Labidura riparia (Dermaptera, Labiduridae) from Brazil: karyotype and C-banding*, *Cytologia*, 65, 93-96.
- Awise, J. C. & J. L. Hamrick (1996) *Conservation genetics*, Chapman and Hall, New York.
- Awise, J. C. (2004) *Molecular Markers, Natural History and Evolution*, Sinauer Associates, Sunderland, Massachusetts, 684pp.
- Barndt, D., Brase, S., Glauche, M., Gruttke, H., Kegel, B., Platen, R. & H. Winkelmann (1991) Die Laufkäferfauna von Berlin (West) mit Kennzeichnung und Auswertung der verschollenen und gefährdeten Arten (Rote Liste, 3. Fassung), in: Auhagen, A., Platen, R. & H. Sukopp (Hrsg.) *Rote Listen der gefährdeten Pflanzen und Tiere in Berlin, Landschaftsentwicklung und Umweltforschung, Berlin, Sonderheft 6: 243-275*.
- Basset, P., Yannic, G. & J. Hausser (2006) Genetic and karyotypic structure in the shrews of the *Sorex araneus* group: Are they independent? *Molecular Ecology*, 15: 1577-1587.
- Begon, M., Harper, J. L. & C. R. Townsend (1996) *Ecology: individuals, populations and communities*, Blackwell-Science, New York, 3rd. edition, 1068pp.
- Behura, S. K. (2006) Molecular marker system in insects: current trends and future avenues, *Molecular Ecology*, 15: 3087-3113.
- Beier, M. (1953) *Dermaptera - Ohrwürmer*, *Biologie der Tiere Deutschlands*, 26: 169-231.
- Beier, M. (1959) *Ordnung: Dermaptera*, in: Weber, H. (Hrsg.) *Bronn's Klassen und Ordnungen des Tierreichs Bd V, Abt. III, Lief. 3*, Akademische Verlagsgesellschaft, Leipzig, 455-586.



- Beier, W. & H. Korge (2001) Biodiversität der Wirbellosenfauna im Gebiet des ehemaligen GUS-Truppenübungsplatzes Döberitz bei Potsdam (Land Brandenburg), Teil I: Käfer (Insecta, Coleoptera), Märkische Ent. Nachr., Sonderheft 1: 1-150.
- Beier, W. (2002) Untersuchungen zur Käferfauna (Insecta: Coleoptera) der ehemaligen brandenburgischen Truppenübungsplätze Döberitz und Jüterbog/West unter besonderer Berücksichtigung vergleichend-ökologischer Aspekte, Dissertation, Uni Potsdam, 212pp.
- Bensch, S. & M. Åkesson (2005) Ten years of AFLP in ecology and evolution: why so few animals? *Molecular Ecology*, 14: 2899-2914.
- Beyer, W. & R. Grube (1997) Einfluss des Überflutungsregimes auf die epigäische Spinnen- und Laufkäferfauna an Uferabschnitten im Nationalpark "Unteres Odertal" (Arach.: Araneida, Col.: Carabidae), *Verh. Ges. Ökol.*, 27: 349-356.
- Binot, M., Bless, R., Boye, P., Gruttke, H., & P. Pretscher (1998) Rote Liste gefährdeter Tiere Deutschlands, Bonn-Bad Godesberg (Bundesamt für Naturschutz), Schriftenreihe für Landschaftspflege und Naturschutz, Heft 55, 434 pp.
- Black-Samuelsson, S., Eriksson, G., Gustafsson, L. & P. Gustafson (1997) RAPD and morphological analysis of a rare plant species *Vicia pisiformis* (Fabaceae), *Biological Journal of the Linnean Society*, 61: 325-343.
- Blanc, M. P., Lugon-Moulin, N., Panighini, C., Pijenburg, H. & L. Rossi (2006) Structure of world-wide populations of *Lasioderma serricorne* (Coleoptera: Anobiidae) as revealed by amplified fragment length polymorphism profiles, *Bull. Entomol. Res.*, 96(2): 111-116.
- Blumrich, H. & H. Fromm (1995) Naturschutz in der Bergbaufolgelandschaft Südbrandenburgs – aus der Sicht des Naturschutzbundes Deutschland e.V., *Aktuelle Reihe der BTU Cottbus* 8/95: 13-26.
- Blumrich, H., Bröring, U., Felinks, B., Fromm, H., Mrzljak, J., Schulz, F., Vorwald, J. & G. Wiegand (1998) Naturschutz in der Bergbaufolgelandschaft – Leitbildentwicklung, *Studien und Tagungsberichte, Schriftenreihe des Landesumweltamtes, Potsdam*, 17: 1-44.
- Bornkamm, R. (1993) Aufruf zum Erhalt und zum Aufbau naturnaher Ökosysteme in Tagebaufolgelandschaften, *GFÖ-Nachrichten*, 34-35.
- Bradshaw, A. D. (1989) Wasteland management and restoration in Western Europe, *J. Appl. Ecol.*, 26: 775-786.
- Brändle, M., Durka, W., Krug, H. & R. Brandl (2003) The assembly of local communities: plants and birds in non-reclaimed mining sites, *Ecography*, 26(5): 652-660.
- Brandmayr, P. (1983) The main axis of the coenoclineal continuum from macroptery to brachyptery in carabid communities of the temperate zone, in: Brandmayr, P., Den Boer, P. J., Weber, F. (Hrsg.) *The synthesis of field study and laboratory experiment, Report 4th Symp Carab'81, PUDOC Wageningen*, 147-169.
- Braunkohlensausschuss (1994a): Sanierungsplan Schlabendorfer Felder, Land Brandenburg, Potsdam.
- Braunkohlensausschuss (1994b): Sanierungsplan Lauchhammer, Teil I, Land Brandenburg, Potsdam.
- Braunkohlensausschuss (1994c): Braunkohlenplan Tagebau Cottbus-Nord, Land Brandenburg, Potsdam.
- Braunkohlensausschuss (1997): Sanierungsplan Lauchhammer, Teil II, Land Brandenburg, Potsdam.
- Breuker, C. J., Victoir, K., De Jong, P. W., Van der Meijden, E., Brakefield, P. M. & K. Vrieling (2005) AFLP markers for the R-gene in the flea beetle, *Phyllotreta nemorum*, conferring resistance to defenses in *Barbarea vulgaris*, *Journal of Insect Science*, 5 (38): 1-9.

- Brouat, C., Sennedot, F., Audiot, P., Leblois, R. & J.-Y. Rasplus (2003) Fine-scale genetic structure of two carabid species with contrasted levels of habitat specialization, *Molecular Ecology*, 12(7): 1731–1745.
- Brunk, I. (2007) Diversität und Sukzession von Laufkäferzönosen in gestörten Landschaften Südbrandenburgs, Dissertation, BTU Cottbus, 377pp.
- Butterweck, M. (1998) Populationsstudien an Waldlaufkäfern (Coleoptera: Carabidae): Einfluß von Korridoren und Trittsteinbiotopen, Wissenschaft und Technik Verlag, Berlin.
- Carisio, L., Cervella, P., Palestini, C., Del Pero, M. & A. Rolando (2004) Biogeographical pattern of genetic differentiation in dung beetles of the genus *Trypocopris* (Coleoptera, Geotrupidae) inferred from mtDNA and AFLP analyses, *Journal of Biogeography*, 31: 1149–1162.
- Chambers, G. K. & E. S. MacAvoy (2000) Microsatellites: consensus and controversy, *Comp. Biochem. Physiol. B.*, 126: 455–476.
- Darvill, B. Ellis, J. S., Lye, G. C. & D. Goulson (2006) Population structure and inbreeding in a rare and declining bumblebee, *Bombus muscorum* (Hymenoptera: Apidae), *Molecular Ecology*, 15(3): 601–611.
- De Vries, H. (1996) Viability of ground beetle populations in fragmented heathlands, Dissertation, Landbouwniversiteit Wageningen.
- Del Moral, R. (1993) Mechanisms of primary succession on volcanoes: A view from Mount St. Helens, in: Miles, J. & D. W. H. Walton (Hrsg.) *Primary Succession on Land*, Blackwell Scientific Publications, Oxford, 79–100.
- Del Moral, R. (1998) Early succession on lahars spawned by Mount St. Helens, *Amer. J. Botany*, 85: 820–828.
- Den Boer, P. J. & W. Den Boer-Danje (1990) On the life history tactics in carabid beetles: Are there only spring and autumn breeders? in: Stork, N. E. (Hrsg.) *The role of ground beetles in ecological and environmental studies*, Intercept, Andover, 247–258.
- Den Boer, P. J. (1971) On the Dispersal Power of Carabid Beetles and its possible significance, *Miscell. Papers Landb. Hogeschool Wageningen*, 8: 119–137.
- Den Boer, P. J. (1977) Dispersal power and survival - Carabids in cultivated countryside, *Miscell. Papers Landb. Hogeschool Wageningen*, 14, Wageningen, Veenman and Zonen B.V.
- Den Boer, P. J. (1987) On the turnover of carabid populations in changing environments, *Acta Phytopath. Entom. Hung.*, 22(1–4): 71–83.
- Den Boer, P. J., van Huizen, T.H.P., Den Boer-Danje, W., Aukema, B. & C.F.M den Bieman (1980) Wing polymorphism and dimorphism in ground beetles as stages in an evolutionary process (Coleoptera: Carabidae), *Entomologia Generalis*, 6(2/4): 107–134.
- Denkinger, P. & G. Wiegler (2006) Diversität der Krautschicht in Roteichen-Ökosystemen (*Quercus rubra*, L.) der Niederlausitzer Bergbaufolgelandschaft, in: Bröring, U. & G. Wiegler (Hrsg.) *Biodiversität und Sukzession in der Niederlausitzer Bergbaufolgelandschaft*, Book on Demand, Norderstedt, 1–21.
- Denkinger, P. & G. Wiegler (2007) Aspekte der Besiedlung durch Pflanzen nach kleinräumigen Störungen in der Niederlausitzer Bergbaufolgelandschaft, in: Wöllecke, J., Anders, K., Durka, W., Elmer, M., Wanner, M. & G. Wiegler (Hrsg.) *Landschaft im Wandel - Natürliche und anthropogene Besiedlung der Niederlausitzer Bergbaufolgelandschaft*, 191–204.
- Desender, K. (1985) Wing Polymorphism and Reproductive Biology in the halobiont Carabid Beetle *Pogonus chalceus* (Marsham) (Coleoptera, Carabidae), *Biol. Jb. Dodonaea*, 53: 89–100.
- Desender, K. (1989) Heritability of wing development and body size in a carabid beetle, *Pogonus chalceus* (Marsham), and its evolutionary significance, *Oecologia*, 78: 513–520.

- Desender, K., Dufrêne, M., Loreau, M., Luff, M.L. & J.-P. Maelfait (1994) Introduction. In: Desender, K., Dufrêne, M., Loreau, M., Luff, M.L. & J.-P. Maelfait (Hrsg.) Carabid beetles, ecology and evolution, Kluwer Academic Press, Dordrecht, xi -xii.
- Desender, K. (1996) Diversity and dynamics of coastal dune carabids, *Ann. Zool. Fennici*, 33: 65-75.
- Desender, K., Backeljau, T., Delahaye, K. & L. de Meester (1998) Age and size of European saltmarshes and the population genetic consequences for ground beetles, *Oecologia*, 114: 503-513.
- Desender, K., Ervynck, A. & G. Tack (1999) Beetle Diversity and Historical Ecology of Woodlands in Flanders, Belg. *J. Zool.*, 129(1): 139-156.
- Desender, K. (2000) Flight muscle development and dispersal in the life cycle of carabid beetles: pattern and processes, *Bulletin De L'Institut Royal Des Sciences Naturelles De Belgique, Entomologie*, 70: 13-31.
- Desender, K. & P. Verdyck (2000) Genetic differentiation in the Galápagos caterpillar hunter *Calosoma granatense* (Coleoptera, Carabidae), in: Brandmayer, P., Lövei, G., Zetto Brandmayr, T., Casale, A. & A. Vigna Taglianti (Hrsg.) Natural History and Applied Ecology of Carabid Beetles, Sofia, Moscow, Pensoft Publishers, 25-34.
- Desender, K., Serrano, J. & P. Verdyck (2000) Genetic diversity and wing polymorphism in the saltmarsh beetle *Pogonus chalceus*: an Atlantic-Mediterranean comparison, in: Brandmayer, P., Lövei, G., Zetto Brandmayr, T., Casale, A. & A. Vigna Taglianti (Hrsg.) Natural History and Applied Ecology of Carabid Beetles, Sofia, Moscow, Pensoft Publishers, 35-43.
- Desender, K. & P. Verdyck (2001) Geographic scaling and genetic differentiation in two highly mobile European saltmarsh beetles. *Belg. J. Zool.* 131 (1): 31-42.
- Desender, K., Small, E. Gaublomme, E. & P. Verdyck (2005) Rural-urban gradient and the populations genetic structure of woodland ground beetles, *Conserv. Genetics*, 6: 51-62.
- Deutscher Wetterdienst (2001-2005): Witterungsreport Express, Jahrgang 3-7, Offenbach.
- Dhyvetter, H., Gaublomme, E. & K. Desender (2005a) Bottlenecks, drift and differentiation: the fragmented population structure of the saltmarsh beetle *Pogonus chalceus*, *Genetica*, 124: 167-177.
- Dhyvetter, H., Gaublomme, E., Verdyck, P. & K. Desender (2005b) Genetic Differentiation Among Populations of the Salt Marsh Beetle *Pogonus littoralis* (Coleoptera: Carabidae): A Comparison Between Atlantic and Mediterranean Populations, *Journal of Heredity*, 96(4): 381-387.
- Dieke, M. (2006) Nachnutzung des ehemaligen Truppenübungsplatz Lieberose, Diplomarbeit, BTU Cottbus, 122pp., <http://www.lieberose.micha-dieke.de/> (zuletzt besucht: 21.06.2007).
- Dieringer, D. & C. Schlötterer (2003) Microsatellite analyzer (MSA) - a platform independent analysis tool for large microsatellite data sets, *Molecular Ecology Notes*, 3: 167-169.
- Dietz, H., Fischer, M. & B. Schmid (1999) Demographic and genetic invasion history of a 9-year-old roadside population of *Bunias orientalis* L. (Brassicaceae), *Oecologia*, 120: 225-234.
- Donath, H. (1988) Der Sandohrwurm (*Labidura riparia*, PALL.) in der nordwestlichen Niederlausitz, Beiträge zur Insektenfauna der nordwestlichen Niederlausitz, *Biol. Studienreihe Luckau*, 17: 31-35.
- Donath, H. (1994) Möglichkeiten des Naturschutzes und der Landschaftsentwicklung während der Bergbausanierung, *Naturschutz und Landschaftspflege in Brandenburg*, 3(2): 16-19.
- Drees, C. (2003) Ausbreitung flugunfähiger Arthropoden über Habitatkorridore - Untersuchungen an einer Metapopulation von *Carabus auronitens* (Col., Carabidae) im Münsterland. Dissertation, Münster, 332pp.

- Dunger, W. (1990) Ökologische Grundlagen der Besiedlung der Bergbaufolgelandschaft aus boden-zoologischer Sicht, Abh. Ber. Naturkundemus. Görlitz, 64(1): 59-64.
- Dunger, W. (1991) Zur Primärsukzession humiphager Tiergruppen auf Bergbaufolgeflächen, Zool. Jb. Syst, 118: 423-447.
- Durka, W. (1999) Genetic diversity in peripheral and subcentral populations of *Corrigiola litoralis* L. (Illecebraceae), Heredity, 83: 476-484.
- Edwards, A., Civitello, A., Hammond, H. A. & C. T. Caskey (1991) DNA typing and genetic mapping with trimeric and tetrameric tandem repeats, American Journal of Human Genetics, 49: 746-56.
- Ehrich, D. (2006) aflpdat: a collection of r functions for convenient handling of AFLP data, Molecular Ecology Notes, 6: 603-604.
- Estroup, A., Largiader, C. R., Perrot, E. & D. Chourrout (1996) Rapid one-tube DNA extraction for reliable PCR detection of fish polymorphic markers and transgenes, Molecular Marine Biology and Biotechnology, 5: 295-298.
- Evanno, G., Regnaut, S. & J. Goudet (2005) Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study, Molecular Ecology, 14: 2611-2620.
- Excoffier, L., Smouse, P. E. & J. M. Quattro (1992) Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data, Genetics, 131: 479-491.
- Falush, D., Stephens, M. & J. K. Pritchard (2003) Inference of population structure using multilocus genotype data: Linked loci and correlated allele frequencies, Genetics, 164(4): 1567-1587.
- Fauna Europaea: <http://www.faunaeur.org> (zuletzt besucht: 05.11.2007).
- Felinks, B. (2000) Primärsukzession von Phytozönosen in der Niederlausitzer Bergbaufolgelandschaft, Dissertation, BTU Cottbus, 196pp.
- Frankham, R. (1995) Conservation genetics, Annu. Rev. Genetic., 29: 305-327.
- Frankham, R., Ballou, J. D. & D. A. Briscoe (2002) Introduction to conservation genetics, Cambridge University Press.
- Freude, H. (1976) Adephega, 1. Carabidae, in: Freude, H., Harde, K. W. & G. A. Lohse (Hrsg.) Die Käfer Mitteleuropas, Band 2, Goecke & Evers, Krefeld, 302pp.
- Garnier, S., Alibert, P., Audiot, P., Prieur, B. & J.-Y. Rasplus (2004) Isolation by distance and sharp discontinuities in gene frequencies: implications for the phylogeography of an alpine insect species, *Carabus solieri*, Molecular Ecology, 13: 1883-1897.
- Gautschi, B., Tenzer, I., Müller, J. P. & B. Schmid (2000a) Isolation and characterization of microsatellite loci in the bearded vulture (*Gypaetus barbatus*) and cross-amplification in three Old World vulture species, Molecular Ecology, 9: 2193-2195.
- Gautschi, B., Widmer, A. & J. Koella (2000b) Isolation and characterization of microsatellite loci in the dice snake (*Natrix tessellate*), Molecular Ecology, 9: 2191-2193.
- Gebert, J. & W. Hoffmann (1996) Kommentiertes Verzeichnis der Sandlaufkäfer und Laufkäfer der Oberlausitz (Coleoptera: Cicindelidae, Carabidae), Mitt. Sächs. Ent., 35: 7-15.
- Geipel, K.-H. & B. Kegel (1989) Die Ausbildung der metathoracalen Flugmuskulatur von Laufkäferpopulationen ausgewählter Straßenrandbiotop in Berlin (West), Verh. Ges. Ökol., 17: 727-732.
- Gibb, H., Hjältén, J., Ball, J., Petterson, R. B., Landin, J., Alvini, O. & K. Danell (2006) Wing loading and habitat selection in forest beetles: Are red-listed species poorer dispersers or more habitat-specific than common congeners? Biological Conservation, 132: 250-260.

- Giles, B. E. & J. Goudet (1997) Genetic differentiation in *Silene dioica* metapopulations: estimation of spatiotemporal effects in a successional plant species, *Am. Nat.*, 149: 507-526.
- Giles, E. T. & G. C. Webb (1972) The Systematics and Karyotype of *Labidura truncata* Kirby, 1903, *Australian Journal of Entomology*, 11(3): 253-256.
- Glaubitz, J. (2004) CONVERT: A user-friendly program to reformat diploid genotypic data for commonly used population genetic software packages, *Molecular Ecology Notes*, 4: 309-310.
- Goldstein, D. & C. Schlötterer (1999) *Microsatellites: Evolution and Applications*, Oxford University Press.
- Goudet, J. (1995) fstat version 1.2: a computer program to calculate F-statistics, *Journal of Heredity*, 86: 485-486.
- Granitzki, K. & J. Reincke (2003) Zur geologischen Kartierung des Neubrandenburger Raumes, *Neubrandenburger Geologische Beiträge*, Neubrandenburg, 3: 99-105.
- Gray, A. J. (1987) Genetic Change during succession in plants, in: Gray, A. J., Crawley, M. J. & P. J. Edwards (Hrsg.) *Colonization, Succession and Stability*, Blackwell, Oxford, 273-293.
- Gross, H. R. & W. T. Spink (1971) Flight habits of the striped earwig *Labidura riparia*, *An. Entomol. Soc. Am.*, 64: 746-748.
- Großer, K.H. (1998): Der Naturraum und seine Umgestaltung, in: Pflug, W. (Hrsg) *Braunkohletagebau und Rekultivierung*, Springer, Berlin, 461-674.
- Grube, R. & W. Beier (1998) Die Laufkäferfauna von Sandoffenflächen und initialen Sukzessionsstadien auf ehemaligen Truppenübungsplätzen Brandenburgs, *Angewandte Carabidologie*, 1: 63-72.
- Gueth, M. & W. Durka (2006) Identification of 10 microsatellite loci in the earwig *Labidura riparia* (Dermaptera, Labiduridae), *Molecular Ecology Notes*, 6: 877-879.
- Guillet, S. & J. Deunff (2000) Isolation and characterization of four polymorphic microsatellite loci in *Forficula auricularia* L. (Dermaptera: Forficulidae), *Molecular Ecology*, 9(10): 1685.
- Guillet, S., Guiller, A., Deunff, J. & M. Vancassel (2000) Analysis of a contact zone in the *Forficula auricularia* L. (Dermaptera: Forficulidae) species complex in the Pyrenean Mountains, *Heredity*, 85(5): 444-449.
- Günther, K. & K. Herter (1974) Dermaptera (Ohrwürmer), in: Helmcke, J.-G., Starck, D. & H. Wermuth (Hrsg.) *Handbuch der Zoologie*, IV. Band: Arthropoda, 2. Hälfte: Insecta, 2. Teil: Spezielles, 1-158.
- Günther, K. (2000) Ordnung Dermaptera – Ohrwürmer, in: *Urania-Tierreich: Insekten*. Urania-Verlag, Berlin, 73-80.
- Güth, M., Durka, W. & J. Mrzljak (2006) Genetische Untersuchungen zur Populationsstruktur von *Calathus erratus* (Carabidae) in gestörten Offenlandbereichen der Niederlausitz, *Mitt. Dtsch. Ges. Allg. Angew. Ent.*, 15: 107-112.
- Haas, F. (2003) 12. Ordnung Dermaptera, Ohrwürmer, *Lehrbuch der Speziellen Zoologie*. I/5, Spektrum Akademischer Verlag, 173-180.
- Hagge, H. & F. Liedl (1996) *Ostsee-Nationalparks: Fischland, Darß, Zingst, Hiddensee, Rügen*, Ellert & Richter, Hamburg.
- Hamrick, J. L. & M. J. Godt (1990) Allozyme diversity in plant species, in: Brown, A. H. D., Clegg, M. T., Kahler, A. L. & B. S. Weir (Hrsg.) *Plant Population Genetics, Breeding, and Genetic Resources*, Sinauer Associates, Sunderland, 43-63.

- Hancock, J. M. (1999) Microsatellites and other simple sequences: genomic context and mutational mechanisms, in: Goldstein, D. B. & C. Schlötter (Hrsg.) Microsatellites - Evolution and Application, Oxford University Press, 351 pp.
- Handke, K. (1989) Erstnachweis des Sandohrwurms *Labidura riparia* Pall. am Ochtumsand bei Bremen (Kreis Wesermarsch), Beitr. Naturk. Niedersachsens, 42: 61-63.
- Hanke, H. (1991): Ökologischer Sanierungs- und Entwicklungsplan Niederlausitz, Umweltbundesamt, Umweltforschungsplan des Bundesministers für Umwelt, Naturschutz und Reaktorsicherheit, Berlin, 234pp.
- Hansson, B. & L. Westerberg (2002) On the correlation between heterozygosity and fitness in natural populations, *Molecular Ecology*, 11: 2467-2474.
- Hardy, O. J. & X. Vekemans (2002) SPAGeDi: a versatile computer program to analyse spatial genetic structure at the individual or population levels, *Molecular Ecology Notes*, 2: 618-620.
- Hardy, O. J. (2003) Estimation of pairwise relatedness between individuals and characterization of isolation-by-distance processes using dominant genetic markers, *Molecular Ecology*, 12: 1577-1588.
- Harz, K. & A. Kaltenbach (1976) Die Orthoptera Europas III, Series Entomologica, Band 12, Den Haag, 434pp.
- Harz, K. (1957) Die Geradflügler Mitteleuropas, Jena, 512pp.
- Hawthorne, D. J. (2001) AFLP-based genetic linkage maps of the Colorado potato beetle *Leptinotarsa decemlineata* and localization of pyrethroid resistance, *Genetics*, 158: 695-700.
- Hedrick, P. W. & M. E. Gilpin (1997) Genetic effective size of a metapopulation, in: Hanski, I. & M. E. Gilpin (Hrsg.) Metapopulation Dynamics: Ecology, Genetics and Evolution. New York, Academic Press, 166-182.
- Hedrick, P. W. (2000) Genetics of populations, Jones and Bartlett Publishers, London, 553pp.
- Heyde, K. & W. Durka (2006) Genetische Diversität von Pflanzenarten auf Sukzessionsflächen des Braunkohletagebaues, in: Bröring, U. & G. Wiegand (Hrsg.) Biodiversität und Sukzession in der Niederlausitzer Bergbaufolgelandschaft, Books on Demand, Norderstedt, 137-152.
- Holderegger, R. H., Gugerli, F., Scheidegger, F. & P. Taberlet (2007) Integrating population genetics with landscape ecology to infer spatio-temporal processes, in: Kienast, F., Gosh, R. & O. Wildi (Hrsg.) A Changing World: Challenges for Landscape Research, Kluwer, Dordrecht.
- Holderegger, R. H. & H. H. Wagner (2006) A brief guide to Landscape Genetics, *Landscape Ecology*, 21: 793-796.
- Holzhauser, S. I. J., Ekschmitt, K., Sander, A.-C., Dauber, J. & V. Wolters (2006) Effect of historic landscape change on the genetic structure of the bush-cricket *Metrioptera roeseli*, *Landscape Ecology*, 21: 891-899.
- Houssard, C. & J. Escarre (1995) Variation and covariation among life-history traits in *Rumex acetosella* from a successional old-field gradient, *Oecologia*, 102(1): 70-80.
- Hoyer, E. (2001) Strandführer Insel Hiddensee, Eigenverlag, Galenbeck.
- Hutchinson, D. W. & A. R. Templeton (1999) Correlation of pairwise genetic and geographic distance measures: inferring the relative influences of gene flow and drift on the distribution of genetic variability, *Evolution*, 53: 1898-1914.
- Jacquemyn, H., Honnay, O., Galbusera, P. & I. Roldán-Ruiz (2004) Genetic structure of the forest herb *Primula elatior* in a changing landscape, *Molecular Ecology*, 13(1): 211-219.
- Jarne, P. & P. J. L. Lagoda (1996) Microsatellites, from molecules to populations and back, *Trends in Evolution and Ecology*, 11(10): 424-429.

- Jarvis, K. J., Haas, F. & M. F. Whiting (2005) Phylogeny of earwigs (Insecta: Dermaptera) based on molecular and morphological evidence: reconsidering the classification of Dermaptera, *Systematic Entomology*, 30(3): 442-453.
- Jordan, K. H. C. (1957) Die Ohrwürmer der Niederlausitz, *Nachrichtenblatt der Oberlausitzer Insektenfreunde*, 5: 2-3.
- Kahl, L., Kluge, R. & S. Thomas (2000) Kultivierung von Bäumen und Sträuchern auf der Kalihalde Sondershausen nach einer wassersparenden Pflanzmethode, in: *Erneuerbare Energie in der Land(wirt)schaft - Band 3*.
- Kamimura, Y. (2006) Right-handed penises of the earwig *Labidura riparia* (Insecta, Dermaptera, Labiduridae): Evolutionary relationships between structural and behavioral asymmetries, *Journal of Morphology*, 267(11): 1381.
- Karagyozyov, L., Kalcheva, I. D. & V. M. Chapman (1993) Construction of random small-insert genomic libraries highly enriched for simple sequence repeats, *Nucleic Acids Research*, 21: 3911-3912.
- Keller, I. & C. R. Lurgiader (2003) Recent habitat fragmentation caused by major roads leads to reduction of gene flow and loss of genetic variability in ground beetles, *Proc. Roy. Soc. London B*, 270(1513): 417-423.
- Keller, I., Nentwig, W. & C. R. Lurgiader (2004) Recent habitat fragmentation due to roads can lead to significant genetic differentiation in an abundant flightless ground beetle, *Molecular Ecology*, 13(10): 2983-2994.
- Keyghobadi, N., Roland, J. & C. Strobeck (2005) Genetic differentiation and gene flow among populations of the alpine butterfly, *Parnassius smintheus*, vary with landscape connectivity, *Molecular Ecology*, 14(7): 1897-1909.
- Kimura, M. (1953) "Stepping-stone" model of population, *Annu. Rep. Natl. Inst. Genet.*, 3: 62-63.
- Klatt, R. (2003) Ein selten werdender Kosmopolit: Der Sandohrwurm *Labidura riparia*, *Naturschutz-Förderverein „Döberitzer Heide“ e.V., Beiträge zum Naturschutz, zur Landschaft und zur Geschichte*, 13: 27-31.
- Kleinow, W. (1966) Untersuchungen zum Flügelmechanismus der Dermapteren, *Z. Morph. Ökol. der Tiere*, 56pp.
- Kleinow, W. (1971) Morphometrische Untersuchungen an Flugapparaten flugfähiger Dermapteren, *Zool. Anz.*, 187: 175-184.
- Köhler, F. & B. Klausnitzer (1998) Verzeichnis der Käfer Deutschlands, *Entomofauna Germanica*, *Entomologische Nachrichten und Berichte*, 4: 185pp.
- Köhler, G. & C. Renker (2001): Beitrag zu einer Fauna der Ohrwürmer (Insecta: Dermaptera) Thüringens, *Thüringer Faunistische Abhandlungen*, 8: 63-81.
- Koivula, M., Kukkonen, J. & J. Niemelä (2002) Boreal carabid-beetle (Coleoptera, Carabidae) assemblages along the clear-cut originated succession gradient, *Biodiversity and Conservation*, 11(7): 1269-1288.
- Krawczynski, R. (2006) Succession of collembola in the post mining landscape of Lower Lusatia, *Dissertation, BTU Cottbus*, 201pp.
- Kuznetsova, V. G. (1979) On the karyotype of earwig *Labidura riparia* Pall. in West Siberia (type locality) and the system of the genus *Labidura* Leach (Dermaptera, Labiduridae), *Revue d'Entomologie de l'URSS*; LVIII, 199-102 (russisch).
- Leblois, R., Estroup, A. & E. Streiff (2006) Genetics of recent habitat contraction and reduction in population size: does isolation by distance matter? *Molecular Ecology*, 15: 3601-3615.

- Lehmann, C. (1997) Clonal diversity of populations of *Calamagrostis epiggejos* in relation to environmental stress and habitat heterogeneity, *Ecography*, 20: 483-490.
- Lehmann, U. & D. Matzke (2004) Beobachtungen zum Flugverhalten von Ohrwürmern am Licht in Siedlungsgebieten (Insecta, Dermaptera), *Insecta*, 9: 81-85.
- Lindroth, C. H. (1945a) Die Fennoskandischen Carabidae, II. Göteborgs kgl. Vetensk. Handl., B 4(2): 1-277.
- Lindroth, C. H. (1945b) Die Fennoskandischen Carabidae, I. Göteborgs kgl. Vetensk. Handl., B 4(1): 278-709.
- Lindroth, C. H. (1949) Die fennoskandischen Carabidae, eine tiergeographische Studie, III. Allgemeiner Teil, Göteborgs kungl. Vetenskapsoch Vitterhets Samhälles Handlingar Ser., 4(3), 911pp.
- Lindroth, C. H. (1985) The Carabidae (Coleoptera) of Fennoskandia and Denmark, *Fauna Entomologica Scandinavia*, Brill/Scandinavian Science Press Ltd., Leiden/Copenhagen, 15(1), 1225pp.
- Lindroth, C. H. (1986) The Carabidae (Coleoptera) of Fennoskandia and Denmark, *Fauna Entomologica Scandinavia*, Brill/Scandinavian Science Press Ltd., Leiden/Copenhagen, 15(2), 497pp.
- Lorenz, W. (2005) Systematic list of extant ground beetles of the world (Insecta Coleoptera "Geadephaga": Trachypachidae and Carabidae incl. Paussinae, Cicindelinae, Rhysodinae), 2nd Ed., Tutzing, 530pp.
- Lowe, A., Harris, S. & P. Ashton (2004) *Ecological Genetics: design, analysis and application*, Blackwell Publishing, Oxford.
- Lynch, M. & B. G. Milligan (1994) Analysis of population genetic structure with RAPD markers, *Molecular Ecology*, 3: 91-99.
- Manel, S., Schwartz, M. K., Luikart, G. & P. Taberlet (2003) Landscape genetics: combining landscape ecology and population genetics, *Trends in Ecology & Evolution*, 18: 189-197.
- Mantel, N. (1967) The detection of disease clustering and a generalized regression approach, *Cancer Research*, 27: 209-220.
- Matzke, D. (1995) Bemerkenswerte Beobachtungen und Funde des Sandohrwurms *Labidura riparia* in Tagebauen und Sandgruben bei Leipzig, *Ent. Nachr. u. Ber.*, 39(548): 91-92.
- Matzke, D. & D. Klaus (1996) Zum Vorkommen des Sandohrwurms (*Labidura riparia* PALLAS) auf Abgrabungsflächen Nordwest-Sachsens und angrenzender Gebiete (Insecta, Dermaptera, Labiduridae), *Mauritiana (Altenburg)*, 16: 57-70.
- Matzke, D. (1997) Ohrwürmer als interessante Zuchttiere (Dermaptera), *Arthropoda*, 5(1): 2-7.
- Matzke, D. (1999a) Dermapterensteckbrief Nr. 1 - Sandohrwurm (*Labidura riparia* Pallas, 1773), *Arthropoda*, 7: 17-18.
- Matzke, D. (1999b) Zur Ohrwurm- und Schabenfauna in Leipzig und Umgebung, *Veröff. Naturk. Mus. Leipzig*, 18: 66-80.
- Matzke, D. (2001) Verzeichnis der Ohrwürmer (Dermaptera) Deutschlands, in: Klausnitzer, B. (Hrsg.) *Entomofauna Germanica 5*, *Entomologische Nachrichten und Berichte*, 6: 53-60.
- McCauley, D. E. (1993) Genetic consequences of extinction and recolonisation in fragmented habitats, in: Kareiva, P. M., Kingsolver, J. G. & R. B. Huey (Hrsg.) *Biotic interactions and global change*, Sinauer, Sunderland, 217-233.
- Megléczy, E., Anderson, S. J., Bourguet, D., Butcher, R., Caldas, A., Cassel-Lundhagen, A., d'Acier, A. C., Dawson, D. A., Faure, N., Fauvelot, C., Franck, P., Harper, G., Keyghobadi, N., Kluetsch, C., Muthulakshmi, M., Nagaraju, J., Patt, A., Péténian, F., Silvain, J.-F. & J. R.



- Wilcock (2007) Microsatellite flanking region similarities among different loci within insect, *Insect Molecular Biology*, 16(2): 175-185.
- Meijer, J. (1989) Sixteen years of fauna invasion and succession in the Lauwerzeepolder, in: Majer, J.D. (Hrsg.) *Animals in primary succession*, Cambridge University Press, Cambridge, 339-369.
- Meynen, E. & J. Schmithüsen (1953) *Handbuch der naturräumlichen Gliederung Deutschlands*, Bundesanst. f. Landeskunde und Raumforschung, Bad Godesberg, 1339pp.
- Mitteldeutsche Braunkohlengesellschaft (Hrsg.) (2002): *Zahlen und Fakten - Energie und Wärme aus mitteldeutscher Braunkohle*, Abteilung Öffentlichkeitsarbeit, 5te Auflage, Theißen, 48pp.
- Moran, P. A. P. (1950) Notes on continuous stochastic phenomena, *Biometrika*, 37:17-23.
- Mrzljak, J. & G. Wiegler (2000) Spider colonisation of former brown coal mining areas - time or structure dependent? *Landscape and Urban planning*, 51: 131-146.
- Mrzljak, J., Bröring, U., Borries, J., Geipel, K.-H., Grondke, A., Hoffmann, W., Ohm, B., Rusch, J. & G. Wiegler (2000) Muster der Artenzusammensetzung von Wirbellosen in Offenlandbereichen der Bergbaufolgelandschaft, in: Wiegler, G., Bröring, U., Mrzljak, J. & F. Schulz (Hrsg.) *Naturschutz in Bergbaufolgelandschaften - Landschaftsanalyse und Leitbildentwicklung*, Physica, Heidelberg, 230-244.
- Mueller, U. G. & L. L. Wolfenbarger (1999) AFLP genotyping and fingerprinting, *Trends in Ecology and Evolution*, 14(10): 389-394.
- Müller, G. (1978) Parameter für Carabiden-Sukzessionen auf der Basis von Aktivitätsdichte-Werten, *Pedobiologia*, 18: 442-447.
- Müller-Motzfeld, G., Niemann, A. & E. Mathyl (1990) Im Rahmen der Küsteninselkartierung erfasste Käfer (Coleoptera) und Ohrenkriecher (Dermaptera), *Natur und Umwelt*, Beiträge aus dem Bezirk Rostock, 17-56.
- Nardi, F., Carapelli, A., Dallai, R., Roderick, G. K. & F. Frati (2005) Population structure and colonization history of the olive fly, *Bactrocera oleae* (Diptera, Tephritidae), *Molecular Ecology*, 14(9), 2729-2738.
- Nei, M. (1987) *Molecular evolutionary genetics*. New York, Columbia University press.
- Neuffer, B., Auge, H., Mesch, H., Amarell, U. & R. Brandl (1999) Spread of violets in polluted pine forests: morphological and molecular evidence for the ecological importance of interspecific hybridization, *Molecular Ecology*, 8: 365-377.
- Neumann, U. (1971) Die Sukzession der Bodenfauna (Carabidae, Diplopoda und Isopoda) in den forstlich rekultivierten Gebieten des Rheinischen Braunkohlereviere, *Pedobiologia*, 11: 193-226.
- Niemelä, J. (1996) From systematics to conservation - carabidologist do it all. *Ann. Zool. Fennici*, 33: 1-4.
- Nüßgen, M. (2003) Konfliktpotential im Rahmen der Landschaftsplanung auf dem ehemaligen Truppenübungsplatz Lieberose, Brandenburg, Diplomarbeit, Humboldt- Universität Berlin, Institut für Geographie.
- Page, R. D. M. (1996) TREEVIEW: An application to display phylogenetic trees on personal computers. *Computer Applications in the Biosciences*, 12: 357-358.
- Palmen, E. (1944) Die anemohydrochore Ausbreitung der Insekten als zoogeographischer Faktor. Mit besonderer Berücksichtigung der baltischen Einwanderungsrichtung als Ankunftswege der fennoskandischen Käferfauna, *Annales Zoologici Societatis Zoologicae Botanicae Fennicae Vanamo*, Helsinki, 10(1): 259pp.

- Patt, A. (2004) Effects of Habitat Degradation and Fragmentation on the Genetic Population Structure of Phytophagous Beetles in an African Rainforest, Dissertation der Rheinischen Friedrich-Wilhelm Universität, Bonn, 193pp.
- Pflug, W. (Hrsg.) (1998): Braunkohletagebau und Rekultivierung, Springer, Berlin, 1068pp.
- Plaisier, F. (1988) Zur Besiedlung junger Düneninseln durch Lauf- und Aaskäfer (Coleoptera: Carabidae, Silphidae), *Drosera* '88: 69-82.
- Prach, K. (1987) Succession of Vegetation on Dumps from Strip Coal Mining, N.W. Bohemia, Czechoslovakia, *Folia Geobotanica et Phytotaxonomica*, 22: 339-354.
- Pritchard, J. K., Stephens, M., & P. Donnelly (2000) Inference of population structure using multilocus genotype data, *Genetics*, 155: 945.
- Purvis, G. & J. Curry (1980) Successional changes in the arthropod fauna of a new ley pasture established on previously cultivated arable land, *J. Appl. Ecol.*, 17: 309-321.
- Queller, D. C., Strassmann, J. E. & C. R. Hughes (1993) Microsatellites and kinship, *Trends in Ecology and Evolution*, 8: 285-288.
- Raffl, C., Schönswetter, P. & B. Erschbamer (2006) „Sax-Sess“- genetics of primary succession in a pioneer species on two parallel glacier forelands, *Molecular Ecology*, 15: 2433-2440.
- Reed, D. H. & R. Frankham (2003) Correlation between fitness and genetic diversity, *Conservation Biology*, 17, 230-237.
- Reznick, D. N. & C. K. Ghalambor (2001) The population ecology of contemporary adaptations: what empirical studies reveal about the conditions that promote adaptive evolution, *Genetica*, 112: 183-198.
- Rosenberg, N. A. (2004) Distruct: a program for the graphical display of population structure. *Molecular Ecology Notes*, 4: 137-138.
- Roslin, T. (2001) Spatial population structure in a patchily distributed beetle, *Molecular Ecology*, 10: 823-837.
- Rozen, S. & H. J. Skaletsky (2000) primer 3 on the WWW for general users and for biologist programmers, in: Krawetz, S. & S. Misener (Hrsg.) *Bioinformatics Methods and Protocols: Methods in Molecular Biology*, Humana Press, New Jersey, 365-386.
- Sallé, A., Arthofer, W., Lieurier, F., Stauffer, C. & C. Kerdelhué (2007) Phylogeography of a host-specific insect: genetic structure of *Ips typographus* in Europe does not reflect past fragmentation of its host, *Biological Journal of the Linnean Society*, 90(2): 239-246.
- Sambrook, J. & D. W. Russel (2001) *Molecular Cloning - A laboratory manual*, 3rd edition, Cold Springs Harbor Laboratory Press, New York.
- Sander, A.-C., Purtauf, T., Wolters, V. & J. Dauber (2006a) Landscape genetics of the widespread ground-beetle *Carabus auratus* in an agricultural region, *Basic and Applied Ecology*, 7(6): 555-564.
- Sander, A.-C., Purtauf, T., Holzhauer, S. I. J. & V. Wolters (2006b) Landscape effects on the genetic structure of the ground beetle *Poecilus versicolor* STURM 1824, *Biodiversity and Conservation*, 15: 245-259.
- Sander, A.-C., Wolter, V. & J. Daubner (eingereicht) Population structure of the ground beetle *Abax parallelepipedus* in forest fragments, 26pp.
- Sauphanor, B., & F. Sureau (1993) Aggregation behaviour and interspecific relationship in *Dermaptera*, *Oecologia*, 96: 260-364.
- Sayah, F., Idaomar, M., Soranzo, L. & A. Karlinsky (1998) Endocrine and neurocrine effects of Azadirachtin in adult demales of the earwig *Labidura riparia*, *Tissue Cell*, 30: 86-94.

- Scheffler, I., Kielhorn, K. H., Wrase, D. W., Korge, H. & D. Braasch (1999) Rote Liste und Artenliste der Laufkäfer des Landes Brandenburg (Coleoptera: Carabidae), Beilage zu Naturschutz und Landschaftspflege in Brandenburg, 8(4): 27pp.
- Schiemenz, H. (1978) Dermapera - Ohrwürmer, in: Stresemann, E. (Hrsg.) Exkursionsfauna für die Gebiete der DDR und BRD, 2/1, Wirbellose, Insekten, erster Teil, Volk und Wissen, Berlin, 91-96.
- Schmidt, H.-J. (2007) [http://www.kyffhaeuser-nachrichten.de/news/news\\_lang.php4?ArtNr=43262](http://www.kyffhaeuser-nachrichten.de/news/news_lang.php4?ArtNr=43262), (zuletzt besucht 12.02.2008).
- Schneider, S., Roessli, D. & L. Excoffier (2000) Arlequin, ver. 2.0: A software for population genetics data analysis. Genetics and Biometry Laboratory, University of Geneva, Switzerland.
- Schöfl G. & C. Schlötterer (2006) Microsatellite Variation and Differentiation in African and Non-African Populations of *Drosophila simulans*, Molecular Ecology, 15: 3895-3905.
- Schulz, W. (1998): Streifzüge durch die Geologie des Landes Mecklenburg-Vorpommern, cw-Verlagsgruppe, Schwerin.
- Slatkin, M. (1977) Gene flow and genetic drift in a species subject to frequent local extinctions, Theor. Pop. Biol., 12: 253-262.
- Slatkin, M. (1994) Gene flow and population structure, in Real, L. A. (Hrsg.) Ecological genetics, Princeton University Press, Princeton, 3-17.
- Solé, M., Durka, W., Eber, S. & R. Brandl (2004) Genotypic and genetic diversity of the common weed *Cirsium arvense* (Asteraceae), International Journal of Plant Sciences, 165: 437-444.
- Steinmann, H. (1993) Dermaptera: Eudermaptera II., in: Wermuth, H. & M. Fischer (Hrsg.) Das Tierreich, Teil 108, Gruyter, Berlin., 709pp.
- Sunnucks, P. (2000) Efficient genetic markers for population biology, Trends in Ecology and Evolution, 15: 199-203.
- Szalanski, A. L. & C. B. Owens (2003) Genetic variation of the southern corn rootworm, *Diabrotica undecimpunctata howardi* (Coleoptera: Chrysomelidae), Florida Entomologist, 86: 329-333.
- Takami, Y., Koshio, C., Ishii, M., Fujii, H., Hidaka, T. & I. Shimizu (2004) Genetic diversity and structure of urban populations of *Pieris* butterflies assessed using amplified fragment length polymorphism, Molecular Ecology, 13(2): 245-258.
- Tautz, D. (1989) Hypervariability of simple sequences as a general source for polymorphic DNA markers, Nucleic Acids Research, 17: 6463-71.
- Tero N., Aspi J., Siikamäki P., Jäkölöniem A. & J. Tuomi (2003). Genetic structure and gene flow in a metapopulation of endangered plant species, *Silene tatarica*, Molecular Ecology, 12: 2073-2085.
- Thiele, H.-U. (1977) Carabid beetles in their environments, Springer, Berlin, 369pp.
- Tomkins, J. L. & L. W. Simmons (1996) Dimorphisms and fluctuating asymmetry in the forceps of male earwigs, Journal of Evolutionary Biology, 9(6): 753-770.
- Trautner, J., Müller-Motzfeld, G. & G. Bräunicke (1997) Rote Liste der Sandlaufkäfer und Laufkäfer Deutschlands (Coleoptera: Cincinellidae et Carabidae), Naturschutz und Landschaftsplanung, 29(9): 261-273.
- Travis, S. E., Proffitt, C. E. & K. Ritland (2004) Population structure and inbreeding vary with successional stage in created *Spartina alterniflora* marshes, Ecological Applications, 14: 1189-1202.
- Turin, H. (1981) Provisional checklist of the European Ground-Beetles (Coleoptera, Cicindelidae & Carabidae), Monografieën van de Nederlandse Entomologische Vereniging, 9: 250pp.

- Turin, H. (2000) De Nederlandse Loopkevers, verspreiding en oecologie (Coleoptera: Carabidae), Nederlandse Fauna, 3, Leiden, 666pp.
- Turner, M. G. (2005) Landscape Ecology: What is the State of the Science? *Annu. Rev. Ecol. Evol. Syst.*, 36: 319-344.
- Valez, S. & J. L. Feder (2006) Integrating biogeographic and genetic approaches to investigate the history of bioluminescent colour alleles in the Jamaican click beetle, *Pyrophorus plagiophthalmus*, *Molecular Ecology*, 15(5): 1393-1404.
- Vancassel, M., Foraste, M., Strambi, A. & C. Strambi (1984) Normal and experimentally induced changes in hormonal hemolymph titers during parental behavior of the earwig *Labidura riparia*, *Gen Comp Endocrinol.*, 56: 444-456.
- Vattenfall Europe: [http://www.vattenfall.de/www/vf/vf\\_de/Gemeinsame\\_Inhalte/DOCUMENT/154192vatt/Bergbau\\_und\\_Kraftwerke/P0275190.pdf](http://www.vattenfall.de/www/vf/vf_de/Gemeinsame_Inhalte/DOCUMENT/154192vatt/Bergbau_und_Kraftwerke/P0275190.pdf) (zuletzt besucht: 21.06.2007).
- Vos, P., Hogers, R., Bleeker, M., Reijans, M., van der Lee, T., Hornes, M., Freijters, A., Pot, J., Peleman, J., Kuiper, M. & M. Zabeau (1995) AFLP: a new technique for DNA fingerprinting, *Nucleic Acids Research*, 23: 4407-4414.
- Wachmann, E., Platen R. & D. Barndt (1995) Laufkäfer, Naturbuch Verlag, Augsburg.
- Walker, L. R. & R. del Moral (2003) Primary Succession and Ecosystem Rehabilitation, Cambridge University Press, 442pp.
- Wallaschek, M. (1999) Zur Zoogeographie und Zooökologie der Orthopteren (Dermaptera, Blattoptera, Saltatoria: Ensifera, Caelifera) des Presseler Heidewald- und Mooregebietes in Sachsen, *Veröff. Naturkundemuseum Leipzig*, 18: 25-65.
- Wallaschek, M. (2004) Rote Liste der Ohrwürmer des Landes Sachsen-Anhalts, in: Wallaschek, M., Langer, T. & K. Richter (Hrsg.): Die Geradflügler des Landes Sachsen-Anhalt, Heuschrecken, Ohrwürmer, Fangschrecken und Schaben, *Berichte des Landesamtes für Umweltschutz Sachsen-Anhalt*, 5: 220-222.
- Wang, J. & M. C. Whitlock (2003) Estimating effective population size and migration rates from genetic samples over space and time, *Genetics*, 163: 429-446.
- Ward, R. D., Skibinski, D. O. F. & M. Woodwark (1992) Protein heterozygosity, protein structure, and taxonomy differentiation, in: Hecht, M.K., Wallace, B. & R. J. Macintyre (Hrsg.) *Evolutionary Biology*, Plenum, New York, 73-159.
- Watts, P. C., Saccheri, I. J., Kemp, S. J. & D. J. Thompson (2006) Population structure and the impact of regional and local habitat isolation upon levels of genetic diversity of the endangered damselfly *Coenagrion mercuriale* (Odonata: Zygoptera), *Freshwater Biology*, 51(2): 193-205.
- Wedrick, P. W. (2000) *Genetics of Populations*, 2nd Ed., Jones and Bartlett Publishers International, London, 553 pp.
- Weidner, H. (1941) Vorkommen und Lebensweise des Sandohrwurms, *Labidura riparia* Pall., *Zool. Anz.*, 133: 185-202.
- Weir, B.S & C. C. Cockerham (1984) Estimating F-Statistics for the analysis of population structure, *Evolution*, 38: 1358-1370.
- Whitlock, M. C. & N. Barton (1997) The effective size of a subdivided population, *Genetics*, 146: 427-441.
- Wiegleb, G. & B. Felinks (2001a) Primary succession in postmining landscapes - chance or necessity?, *Ecological Engineering*, 17: 199-217.

- Wiegand, G. & B. Felinks (2001b) Predictability of early stages of primary succession in postmining landscapes of Lower Lusatia, *Appl. Veget. Sci.*, 4:5-18.
- Wiegand, G. (1996) Leitbilder des Naturschutzes in Bergbaufolgelandschaften am Beispiel der Niederlausitz, *Verh. Ges. Ökol.*, 25: 309-319.
- Wiegand, G., Bröring, U., Mrzljak, J. & F. Schulz (Hrsg.) (2000) Naturschutz in Bergbaufolgelandschaften - Landschaftsanalyse und Leitbildentwicklung, Physica-Verlag, Heidelberg, 381 pp.
- Wiens, J. A. (2002) Central Concepts and Issues of Landscape Ecology, in: Gutzwiller, K. J. (Hrsg.) *Applying Landscape Ecology in Biological Conservation*, Springer, New York, Berlin, Heidelberg, 3-21.
- Williams, B. L., Brawn, J. D., & K. N. Paige (2003) Landscape scale genetic effects of habitat fragmentation on a high gene flow species: *Spheyeria idalia* (Nymphalidae), *Molecular Ecology*, 12: 11-20.
- Wirth, T., Le Guellec, R., Vancassel, M. Veuille, M. (1998) Molecular and reproductive characterization of two sibling species in the European earwig *Forficula auricularia*, *Evolution*, 52: 260-265.
- With, K. A. (2004) Metapopulation Dynamics: Perspectives from Landscape Ecology, in: Hanski, I. & Gaggiotti, O. E. (Hrsg.) *Ecology, Genetics, and Evolution of Metapopulations*. Elsevier Academic Press, Heidelberg, London.
- Wright, S. (1943) Isolation by distance, *Genetics*, 28: 114-138.
- Wright, S. (1978) *Evolution and the Genetics of Populations*, Vol. 4, Variability Within and Among Natural Populations. University of Chicago Press, Chicago.
- Wu, L., Bradshaw, A. D. & D. A. Thurman (1975) The potential for evolution in heavy metal tolerance in plants - III The rapid evolution of copper tolerance in *Agrostis stolonifera*., *Heredity*, 43: 165-187.
- Young, A. C. & G. M. Clarke (2000) *Genetic Demography and Viability of Fragmented Populations*, University Press, Cambridge.
- Zane, L., Bargelloni, L. & T. Patarnello (2002) Strategies for microsatellite isolation: a review, *Molecular Ecology*, 11: 1-16.

## 6.2 Verzeichnis der Analyseprogramme

**Arlequin ver. 2.0** (Schneider et al. 2000): <http://lgb.unige.ch/arlequin/> (11.10.2007).

**Arlequin ver. 3.01:** <http://cmpg.unibe.ch/software/arlequin3/> (21.11.07)

**Convert v. 1.31** (Glaubitz 2004):

<http://www.agriculture.purdue.edu/fnr/html/faculty/Rhodes/Students%20and%20Staff/glaubitz/software.htm> (11.10.2007).

**Distruct** (Rosenberg 2004): <http://rosenberglab.bioinformatics.med.umich.edu/distruct.html> (11.10.2007).

**Fstat v. 2.8** (Goudet 1995): <http://www2.unil.ch/popgen/softwares/fstat.htm> (11.10.2007).

**Genographer:** <http://hordeum.oscs.montana.edu/genographer/> (11.10.2007).

**Genotyper 2.0** (Perkin-Elmer, Version für Macintosh).

**MSA 3.0** (Dieringer & Schlötterer 2003) <http://i122server.vu-wien.ac.at> (11.10.2007).

**PHYLIP** (Phylogeny Inference Package) Version 3.6:

<http://evolution.genetics.washington.edu/phylip.html> (07.09.2007).

**Programm R:** <http://www.r-project.org/> (07.09.2007).

**SPAGeDi v. 1.1** (Hardy & Vekemanns 2002):

<http://www.ulb.ac.be/sciences/ecoevol/spagedi.html> (11.10.2007).

**SPSS 12.0:** <http://www.spss.com/> (11.10.2007).

**STRUCTURE 2.0** (Pritchard et al. 2000, Falush et al. 2003):

<http://pritch.bsd.uchicago.edu/structure.html> (11.10.2007).

**Treeview** (Page 1996): <http://taxonomy.zoology.gla.ac.uk/rod/treeview.html> (10.10.2007).

## 7 Anhang

### 7.1 Protokolle

#### **Protokoll 1: DNA-Extraktions-Protokoll für Käfer (mit DNeasy Tissue-Kit, modifiziert nach DNeasy-Tissue Handbuch, Qiagen, Hilden)**

1. 80 µl PBS (Rezeptur siehe unten) in ein 2,0 ml Eppendorfgefäß geben.
2. Kopf und Beine des Käfers mit einem über einer Flamme abgeflammtten Skalpell vom restlichen Käferkörper trennen und in das 2,0 ml Eppendorfgefäß überführen.
3. Das Gewebe unter Zugabe von 100 µl PBS mit einem Mikropistill homogenisieren.
4. Zugabe von 4 µl RNase A zur Probe und 2 min bei Raumtemperatur inkubieren.
5. 20 µl Proteinase K und 200 µl Puffer Lysepuffer AL zur Probe geben, danach gründlich vortexen und für 10 min bei 70°C inkubieren.
6. 200 µl Alkohol (99%, ohne Detergenzien) zur Probe geben und durch vortexen mischen.
7. Die Mischung von Schritt 6 mit allen Geweberesten in ein DNeasy Säulchen („spin column“), das sich in einem 2 ml Sammelröhrchen befindet, überführen. Bei maximaler Geschwindigkeit für 1min zentrifugieren. Das Sammelröhrchen mit der Durchflussflüssigkeit entfernen.
8. DNeasy spin column in ein neues 2 ml Sammelröhrchen stellen und 500 µl Waschpuffer AW1 zugeben, bei voller Geschwindigkeit 1 min zentrifugieren. Durchfluss und Sammelröhrchen entfernen.
9. DNeasy spin column in ein neues 2 ml Sammelröhrchen stellen und 500 µl Waschpuffer AW2 zugeben, bei voller Geschwindigkeit 3 min zentrifugieren. Durchfluss und Sammelröhrchen entfernen.
10. DNeasy spin column in ein 1,5 ml Eppendorfgefäß stellen und 50 µl destilliertes Wasser direkt auf die Membran des DNeasy spin columns pipettieren. Bei Raumtemperatur 1 min inkubieren und bei voller Geschwindigkeit 1min zum Eluieren zentrifugieren.
11. Die extrahierte DNA befindet sich nun in den 50 µl Lösung im Eppendorfgefäß.

**PBS (Phosphate buffered Saline)-Puffer, nach Sambrock & Russel (2001, Band 3, Appendix 1.7)**

8 g NaCL (137,0 mM), 0,2 g KCL (2,6 mM), 1,44 g Na<sub>2</sub>HPO<sub>4</sub> (10,1 mM), 0,24 g KH<sub>2</sub>PO<sub>4</sub> (2,0 mM) zusammen mit 800 ml destilliertem Wasser in einen 1 l Kolben geben. Danach wird mit HCL der pH-Wert auf 7,4 eingestellt und die Flüssigkeit wird mit Wasser auf 1 l aufgefüllt.

**Protokoll 2: DNA-Extraktions-Protokoll für Sandohrwürmer (modifiziert nach Estrop et al. 1996)**

1. Jeweils 100 µl 5% Chelex in die Röhrchen einer Mikrotiterplatte geben.
2. Den gefrorenen Sandohrwurm aus dem Lagerungsröhrchen nehmen und je 1 Bein pro Tier mit einem über einer Flamme abgeflammtten Skalpell in einem Mörsergefäß vom restlichen Ohrwurmkörper trennen und in ein Röhrchen der Mikrotiterplatte überführen und Röhrchen verschließen.
3. Proben im Thermocycler bei 100 °C für 10 min erhitzen.
4. Danach für 3 min bei höchster Drehzahl zentrifugieren. Der kugelfreie Überstand in den Röhrchen kann nun für die weiteren Analyse-Schritte verwendet werden.

**Chelex 5%**

0,12 g TRIS [Tris(hydroxymethyl)-aminomethan] und 5 g Chelex werden in einem Kolben mit destilliertem Wasser auf 100 ml aufgefüllt. Der pH-Wert wird mit HCL auf 7,5 eingestellt.



## 7.2 Abbildungen und Tabellen

Tabelle 29: Genetische Differenzierung zwischen den *Calathus erratus*-Populationen der 13 Untersuchungsstandorte. Unterer Tabellenbereich: paarweise *F<sub>st</sub>*-Werte, signifikante *F<sub>st</sub>*-Werte fett gedruckt, oberer Tabellenbereich (kursiv): *p*-Werte der paarweisen *F<sub>st</sub>*-Werte.

	Holz	Lieb	NO	NW	Nord	Ple	cP	SO	SW	Schl	See	Weis	Wue
<b>Holz</b>		<i>0,6666</i>	<i>0,2882</i>	<i>0,5315</i>	<i>0,0270</i>	<i>0,1982</i>	<i>0,0810</i>	<i>0,4955</i>	<i>0,4144</i>	<i>0,0450</i>	<i>0,1081</i>	<i>0,0000</i>	<i>0,5945</i>
<b>Lieb</b>	-0,015		<i>0,6396</i>	<i>0,2162</i>	<i>0,3153</i>	<i>0,2973</i>	<i>0,2162</i>	<i>0,1351</i>	<i>0,0900</i>	<i>0,2252</i>	<i>0,0991</i>	<i>0,0000</i>	<i>0,7657</i>
<b>NO</b>	0,005	-0,013		<i>0,4774</i>	<i>0,0270</i>	<i>0,3964</i>	<i>0,0540</i>	<i>0,2162</i>	<i>0,9639</i>	<i>0,6666</i>	<i>0,0810</i>	<i>0,0180</i>	<i>0,2162</i>
<b>NW</b>	-0,005	0,016	-0,005		<i>0,0360</i>	<i>0,6396</i>	<i>0,1171</i>	<i>0,6846</i>	<i>0,2162</i>	<i>0,0900</i>	<i>0,6576</i>	<i>0,1081</i>	<i>0,6576</i>
<b>Nord</b>	<b>0,044</b>	0,008	<b>0,055</b>	<b>0,045</b>		<i>0,1891</i>	<i>0,0270</i>	<i>0,1081</i>	<i>0,2252</i>	<i>0,0090</i>	<i>0,3333</i>	<i>0,0000</i>	<i>0,0630</i>
<b>Ple</b>	0,021	0,026	0,007	-0,010	0,034		<i>0,5225</i>	<i>0,6576</i>	<i>0,6846</i>	<i>0,5765</i>	<i>0,8018</i>	<i>0,2792</i>	<i>0,6486</i>
<b>cP</b>	0,054	0,014	0,050	0,027	<b>0,069</b>	0,004		<i>0,0270</i>	<i>0,0090</i>	<i>0,4144</i>	<i>0,1531</i>	<i>0,0270</i>	<i>0,3603</i>
<b>SO</b>	-0,007	0,021	0,012	-0,014	0,036	-0,007	<b>0,046</b>		<i>0,5405</i>	<i>0,5315</i>	<i>0,0991</i>	<i>0,0720</i>	<i>0,7657</i>
<b>SW</b>	0,008	0,028	-0,044	0,016	0,017	-0,016	<b>0,056</b>	-0,008		<i>0,1891</i>	<i>0,1531</i>	<i>0,0450</i>	<i>0,6396</i>
<b>Schl</b>	<b>0,042</b>	0,018	-0,017	0,031	<b>0,091</b>	-0,013	0,008	-0,001	0,025		<i>0,3423</i>	<i>0,1441</i>	<i>0,0270</i>
<b>See</b>	0,034	0,030	0,046	-0,015	0,014	-0,020	0,039	<b>0,031</b>	0,030	0,005		<i>0,0270</i>	<i>0,2432</i>
<b>Weis</b>	<b>0,075</b>	<b>0,078</b>	<b>0,057</b>	0,036	<b>0,102</b>	0,012	<b>0,068</b>	0,041	<b>0,054</b>	0,034	<b>0,070</b>		<i>0,3574</i>
<b>Wue</b>	-0,008	-0,018	0,012	-0,008	0,041	-0,003	0,013	-0,019	-0,010	<b>0,043</b>	0,016	0,061	



Abbildung 50: Vorhandensein oder Fehlen polymorpher Banden unter Angabe der Basenpaarlänge (oben) für die Primerkombination Eco RI-ACT Mse I CAC in den Käferpopulationen, geordnet nach Habitattyp, Untersuchungsfläche, Individuum (schwarz gefärbtes Kästchen- Bande vorhanden, weißes Kästchen- Bande nicht vorhanden).



Abbildung 51: Vorhandensein oder Fehlen polymorpher Banden unter Angabe der Basenpaarlänge (oben) für die Primerkombination Eco RI-ACG Mse I CAC in den Käferpopulationen, geordnet nach Habitattyp, Untersuchungsfläche, Individuum (schwarzgefärbtes Kästchen- Bande vorhanden, weißes Kästchen- Bande nicht vorhanden).

Tabelle 30: Genetische Differenzierung zwischen den *Labidura riparia*-Populationen der 21 Untersuchungsstandorte. Unterer Tabellenbereich: paarweise *Fst*-Werte, signifikante *Fst*-Werte fett gedruckt, oberer Tabellenbereich (kursiv): *p*-Werte der paarweisen *Fst*-Werte.

	Alt	CB	Does	Doew	Due+	Due	Hid+	Hid	L	Lieb+	Lieb	Nord	PleO	PleU	Dorf	cP	SN	SO	Son	SS	Sw
Alt		0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
CB	0,107		0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0720	0,5855	0,0000	0,0000	0,0000	0,6756	0,3333	0,0000	0,0000	0,0090	0,0000
Does	0,101	0,050		0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0360	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
Doew	0,137	0,029	0,077		0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,4054	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0360	0,0000	0,0000
Due+	0,241	0,084	0,131	0,086		0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
Due	0,156	0,039	0,059	0,069	0,090		0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0270	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0090	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
Hid+	0,155	0,121	0,155	0,159	0,252	0,184		0,8558	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
Hid	0,188	0,148	0,187	0,196	0,303	0,243	-0,007		0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
L	0,139	0,034	0,084	-0,002	0,112	0,089	0,158	0,194		0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,1261	0,0000	0,0000
Lieb+	0,099	0,024	0,040	0,050	0,123	0,047	0,110	0,150	0,072		0,2072	0,0000	0,0090	0,0000	0,0000	0,0000	0,0180	0,0000	0,0000	0,0000	0,0360
Lieb	0,090	0,011	0,045	0,037	0,100	0,056	0,119	0,167	0,058	0,006		0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0180	0,0000	0,0180	0,0000	0,3783
Nord	0,124	-0,001	0,044	0,029	0,068	0,027	0,150	0,188	0,034	0,045	0,027		0,0090	0,0000	0,1351	0,3693	0,0991	0,0000	0,0180	0,0000	0,0000
PleO	0,105	0,033	0,043	0,058	0,136	0,070	0,134	0,171	0,059	0,031	0,029	0,030		0,0000	0,0090	0,0000	0,0090	0,0000	0,0090	0,0000	0,0000
PleU	0,123	0,050	0,046	0,077	0,103	0,046	0,142	0,172	0,082	0,037	0,047	0,032	0,031		0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
Dorf	0,116	-0,002	0,055	0,044	0,094	0,054	0,117	0,147	0,049	0,037	0,018	0,007	0,031	0,044		0,1801	0,0090	0,0360	0,0000	0,0000	0,0000
cP	0,118	0,003	0,044	0,028	0,071	0,036	0,139	0,170	0,043	0,026	0,015	0,003	0,039	0,048	0,006		0,0810	0,0000	0,0000	0,0090	0,0000
SN	0,102	0,019	0,018	0,052	0,074	0,031	0,122	0,155	0,064	0,020	0,016	0,010	0,034	0,022	0,020	0,009		0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
SO	0,092	0,026	0,076	0,034	0,101	0,066	0,106	0,132	0,054	0,034	0,021	0,029	0,046	0,054	0,015	0,024	0,033		0,0090	0,0000	0,0000
Son	0,104	0,039	0,077	0,034	0,129	0,098	0,127	0,157	0,010	0,052	0,052	0,040	0,041	0,083	0,051	0,051	0,062	0,055		0,0000	0,0000
SS	0,088	0,082	0,107	0,076	0,183	0,134	0,159	0,200	0,084	0,078	0,069	0,087	0,082	0,102	0,079	0,093	0,092	0,021	0,073		0,0000
SW	0,099	0,036	0,058	0,050	0,099	0,061	0,129	0,155	0,073	0,021	0,002	0,035	0,050	0,070	0,033	0,015	0,024	0,037	0,072	0,090	

*Tabelle 31: Kleinräumige genetische Untersuchungen an Laufkäfern. Angegeben sind die Größe der Käfer, der Beflügelungstyp (Angaben nach Freude 1976: u – ungeflügelt, di – dimorphe Flügelausbildung, mac – makroptere Flügelausbildung), die untersuchten genetischen Marker (A - Allozyme, M - Mikrosatelliten, AFLP - Amplified Fragment Length Polymorphism), Anzahl untersuchter polymorpher Loci, Anzahl untersuchter Populationen. Der Fst- Wert bezieht sich auf alle berücksichtigten Populationen im Distanzbereich. Weiterhin werden eine Kurzbeschreibung des Lebensraumes und der Grund der Isolation der Populationen, sowie die Literaturquelle angegeben. Erweitert und stark verändert nach Drees (2003).*

Art	Größe (mm)	Beflügel- ungstyp	Marker, Anzahl Loci	Anzahl Populatio- nen	Fst	Entfernung (km)	Habitattyp	Quelle
<b>Abax parallelepipedus</b>	18,5	u	A (5)	8	0,028	1,6-4,7	Waldinseln	Butterweck (1998)
<b>Abax parallelepipedus</b>	18,5	u	AFLP (151)	9	0,24	0,2-20	Waldinseln	Sander et al. (eingereicht)
<b>Agonum ericeti</b>	8	di?	A(7)	8	0,038	3-37	Hochmoorreste	De Vries (1996)
<b>Bembidion minimum</b>	3	mac	A (4)	24	0,0113 0,0346	5-60 km Atlantische Küste	Salzmarschen	Desender & Verdyck (2001)
<b>Bembidion normannum</b>	4,5	mac	A (4)	24	0,0115 0,029 0,0565	5-60 km Küste Atlantik Atlantik und Mittelmeer	Salzmarschen	Desender & Verdyck (2001)
<b>Calathus erratus</b>	10,5	di	AFLP (82)	13	0,023	1-120	Offenlandflächen	diese Arbeit und Güth et al. (2006)
<b>Carabus auronitens</b>	24,5	u	M (7)	23 26 4	0,040 0,075 0,304	0,15-4,75 0,15-28 13-28	Waldinseln	Drees (2003)
<b>Carabus glabratus</b>	28	u	A (2)	8	0,002	0,225-3	Alte Wälder	Assmann (1998)
<b>Carabus nemoralis</b>	23	u	A (8)	8	0,033	1,6-4,7	Waldinseln	Butterweck (1998)
<b>Carabus nemoralis</b>	23	u	M (10)	26 (24 ausgewertet)	0,008	0,4-13,6	Waldinseln	Brouat et al. (2003)
<b>Carabus punctato-auratus</b>	25	u	A (4)	6	0,057	4-12	Gebirgswälder	Assmann (1998)
<b>Carabus punctato-auratus</b>	25	u	M (5)	26 (24 ausgewertet)	0,017	0,4-13,6	Waldinseln	Brouat et al. (2003)

Fortsetzung Tabelle 31.

Art	Größe (mm)	Beflügel- ungstyp	Marker, Anzahl Loci	Anzahl Populatio- nen	Fst	Entfernung (km)	Habitattyp	Quelle
<b>Carabus solieri</b>	25	u	10	41	0,022-0,789	10-120	Waldstücke in den Alpen	Garnier et al. (2004)
<b>Carabus violaceus</b>	29,5	u	M (6)	8	0,05	0,25-1,5 (ohne belgische Populationen)	Waldstücke durch Straße zerschnitten	Keller & Largiadér (2003)
<b>Dicheirotichus gustavii</b>	6	di/mac	A (10)	10	0,041	15-500	Salzmarschen	Desender et al. (1998)
<b>Pogonus chalceus</b>	7,5	mac	A (7)	18	0,213	Südeuropa bis Belgien	marine Salzmarschen	Dhuyvetter et al. (2004)
			M (5)	18	0,079			
<b>Pogonus chalceus</b>	7,5	mac	A (9)	10	0,137	15-500	Salzmarschen	Desender et al. (1998)
<b>Pogonus chalceus</b>	7,5	mac	A (5) und M (5)	10	Ge-poolt 0,045	Kleinräumig, Nordbelgien, Südniederlande	Salzmarschen	Dhuyvetter et al. (2005b)
<b>Pogonus littoralis</b>	7,5	mac	A (9)	13	0,165	Atlantik, Mittelmeer	Salzmarschen	Dhuyvetter et al. (2005a)
					0,023	Atlantik		
					0,013	Mittelmeer		
<b>Pterostichus (Poecilus) lepidus</b>	12	di	A(4)	7	0,090	1-48	Isolierte Heideflächen	De Vries (1996)
<b>Pterostichus oblongo-punctatus</b>	10,5	di	A (8)	8	0,031	1,6-4,7	Waldinseln	Butterweck (1998)

## 8 Danksagung

*Throw up a handful of feathers, and all must fall to the ground according to definite laws; but how simple is this problem compared to the action and reaction of the innumerable plants and animals which have determined, in the course of centuries, the proportional numbers and kinds of trees now growing on the old Indian ruins.*

*Charles Darwin (1859) The origin of species.*

Ich möchte mich bei allen Personen, die mich auf vielfältigste Weise bei meinem Promotionsvorhaben unterstützt haben bedanken. Prof. Dr. Gerhard Wiegleb ermöglichte mir die Bearbeitung des Themas und gab mir gute Hinweise. PD Dr. Udo Bröring übernahm die Aufgabe des Zweitgutachters.

Ohne die tatkräftige Unterstützung und das wissenschaftliche Know-how von Dr. Walter Durka (UFZ Halle) wäre mir der Aufbau des genetischen Labors am Lehrstuhl Allgemeine Ökologie nicht möglich gewesen. Durch seine langjährige Erfahrung kenne ich nun viele genetischen Analyse- und Auswertungsmethoden. Danke!

Ein Dank auch an Dr. Judith Fehrer (Görlitz, nun in Prag), die mir erste Schritte der DNA-Extraktion bei Arthropoden näher brachte und an Dr. Manja Böhme (Leipzig) für eine Einführung in die Arbeit mit Mikrosatelliten.

Für die gute Zusammenarbeit, interessanten Diskussionen, Hilfe bei der Geländearbeit, Lösungsvorschlägen bei diversen Problemen mit MS Word und Excel und intensives Korrekturlesen danke ich allen gegenwärtigen und ehemaligen Kollegen am Lehrstuhl Allgemeine Ökologie: PD Dr. Udo Bröring, Dr. Ingo Brunk, Petra Denking, Gisela Koch, Dr. René Krawczynski, Dr. Jadranka Mrzljak, Dr. Tim Peschel, Dr. Reiner Petzoldt, Detlef Rathke, Barbara Seidl-Lampa, Dr. Jörn Vorwald und Diana Zinke.

Mein Dank gibt im Besonderen auch den studentischen Mitarbeitern, die mich während der *Calathus erratus*-Studie bei der Geländearbeit und im Labor tatkräftig unterstützt haben. Vielen Dank an die multikulturelle Truppe mit Ingmar Lippert, Anna Kulik, Pan Tao, Diego Martinez-Schütt, Edina Benkö und Effah Antwi. Im Rahmen der Studie an *Calathus erratus* wurden die Bodenanalysen von Bianka Schütt und die Vegetationsaufnahmen von Petra Denking durchgeführt. Für den Fang der Käfer in der Döberitzer Heide danke ich Dr. Wolfgang Beier (Potsdam). Ein besonderer Dank geht an Dr. Ingo Brunk für die Unterstützung beim Käferfang und die sichere Bestimmung und Unterscheidung von *Calathus erratus* und *Calathus ambiguus*-Individuen.

Für Hinweise zum Fang der Sandohrwürmer, Sandohrwurmindividuen aus diversen Ländern und hilfreiche Diskussionen danke ich besonders Danilo Matzke (Leipzig), Dr. Fabian Haas (Nairobi), Dr. Masaru Nishikawa (Japan), Dr. Vincent Albouy (Frankreich) und Dr. Günter

Köhler (Jena). Beim Fang der Sandohrwürmer waren behilflich Filip Niemann (Cottbus), Barbara Seidl-Lampa (Cottbus), Dr. Ralf Deichsel (Potsdam), Dr. Ingo Brunk (Cottbus), Karl Heyde (Leipzig), Dr. Ingolf Stodian (Hiddensee) und Heiko Sparmberger (Erfurt). Ein besonderer Dank gilt Filip Niemann für die Vermessung der Ohrwürmer aus den Bodenfallenfängen und dem Auslesen und Sortieren der Arthropoden aus den Flugfallen. Danke für die nette Zusammenarbeit.

Vielen Dank auch an Effah Antwi für die Erstellung der beiden GIS- Graphiken. Der Vattenfall-Europe AG danke ich für die Erlaubnis den Kartenausschnitt mit der Übersicht der Taggebaue verwenden zu dürfen. Ein besonderes Dankeschön geht an Michael Dieke für die Anfertigung der Portraits von *Calathus erratus* und *Labidura riparia* und für das erfolgreiche Formatierungswochenende.

Für die Aufrechterhaltung der Funktion der Computertechnik, den Bau eines Mac-Emulators und die Hilfe bei vielen kleineren und größeren Computerproblemen danke ich den Systemadministratoren Andi Markurth und Matthias Ostrowski.

Diesen Absatz möchte ich den im Dienste der Wissenschaft verschiedenen („gesammelten“) Insekten widmen, ohne die die Durchführung der vorliegenden Analysen nicht möglich gewesen wäre. Es sind zu nennen: ca. 420 *Calathus erratus*-Individuen, ca. 70 *Calathus ambiguus*-Individuen und 635 Sandohrwürmer aus verschiedenen Ländern. In den Malaisefallen und Luftklektoren verdingen sich 3417, bzw. 585 Individuen verschiedener Taxa.

Last but not least möchte ich mich für ihre allgegenwärtige Unterstützung bei meiner Familie, besonders bei meinen Eltern Ulrike und Dr. Wolfgang Güth bedanken.

Beide Studien wurden im Rahmen des Verbundprojektes SUBICON (Successional Change and Biodiversity Conservation) durchgeführt. Die Untersuchungen am Laufkäfer *Calathus erratus* erfolgten in SUBICON I (2001-2004). Die Studie am Sandohrwurm *Labidura riparia* wurde in SUBICON II (2004-2007) durchgeführt. Das SUBICON-Projekt wurde mit Mitteln des BMBF (Bundesministerium für Bildung und Forschung, Fkz. 01LC0018 und 01LC0018A) gefördert. Weitere Informationen zum Projekt sind im Internet unter: [www.schlabendorfer-felder.de](http://www.schlabendorfer-felder.de) verfügbar.

Eine Co-Finanzierung des Gensequenzierers erfolgte aus EFRE-Mitteln (Europäischen Fonds für regionale Entwicklung).